



HAL
open science

Rencontre et Compatibilité : deux filtres à la base de la gestion et de la conservation de la biodiversité

Nicolas Bech

► **To cite this version:**

Nicolas Bech. Rencontre et Compatibilité : deux filtres à la base de la gestion et de la conservation de la biodiversité. Biodiversité et Ecologie. Université de Poitiers, 2023. <tel-04927402>

HAL Id: tel-04927402

<https://hal.science/tel-04927402v1>

Submitted on 3 Feb 2025

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons CC0 1.0 - Universal - International License

Habilitation à Diriger des recherches

Université de Poitiers
Faculté des Sciences Fondamentales et Appliquées
Secteur de Recherche : Biologie et Ecologie des Populations

Laboratoire d'Ecologie et biologie des interactions – UMR CNRS 7267
Equipe Ecologie, Evolution Symbiose



Rencontre et Compatibilité : deux filtres à la base de la gestion et de la conservation de la biodiversité

Présenté par

Nicolas BECH

Maître de Conférences

Le 15 décembre 2023

Membres du jury :

Aurélie COULON	MCF (<i>HDR</i>) Museum National d'Histoire Naturelle	Rapporteuse
Laurence DESPRES	PR, Université de Grenoble	Rapporteuse
Annie GUILLER	PR, Université d'Amiens	Rapporteuse
Jérôme BOISSIER	PR, Université de Perpignan	Examineur
Frédéric GRANDJEAN	PR, Université de Poitiers	Examineur
Jean Louis YENGUE	PR, Université de Poitiers	Examineur

Résumé :

A l'heure où les écosystèmes connaissent une évolution sensible sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, les paysages se fragmentent et les populations se retrouvent déconnectées les unes des autres. Parmi les plans de gestion invoqués pour conserver les populations, certains proposent de reconnecter les individus soit par des corridors écologiques soit en les déplaçant. Cependant, en évolution et en biologie de la conservation, la complexité des processus macro et micro évolutifs ne garantit pas toujours le succès de ces plans de gestion. A titre d'exemple, il est difficile de savoir si un repeuplement chez le lagopède alpin, ayant trouvé refuge dans les Pyrénées il y a 10 000 ans, pourrait favoriser une population en situation d'isolat biogéographique alors qu'au même endroit un repeuplement similaire semble néfaste pour les populations de perdrix grises ou encore dans le Var pour les tortues d'Hermann. Ces repeuplements, souvent utilisés pour augmenter la taille des populations et la diversité génétique, proposent de mélanger des individus venus d'ailleurs à des populations devenues fragiles. Cependant, en fonction du temps de séparation entre les individus repeuplés et repeuplant, ces rencontres fortuites peuvent aussi « casser » des adaptations locales chez les populations repeuplées. Ainsi, ces phénomènes de rencontre forcée relèvent des questions de compatibilité génétique à la base de la conservation de la biodiversité et plus généralement de la gestion des populations.

Dans le cadre de cette HDR, ces phénomènes sont résumés en deux filtres dits de « rencontre » et de « compatibilité », filtres théorisés et proposés initialement dans le cadre des interactions hôtes-parasites et réinvestis dans le cadre de cette HDR à la lueur de mes travaux. Ce travail propose ainsi de décrire l'importance de chacun de ces filtres dans la gestion de différentes espèces d'intérêts communautaires comme sanitaires.

A Sophie, à Louise

Remerciements

Je remercie les membres du jury d'avoir accepté d'évaluer ce travail d'HDR. Merci d'avoir pris le temps de lire ce manuscrit malgré un emploi du temps que je sais être chargé.

Merci également aux organismes de recherche qui ont soutenu et soutiennent d'une manière ou d'une autre mes travaux de recherche. Parmi ceux-ci je citerai le laboratoire anciennement appelé le *Centre de Biologie et d'Ecologie Tropicale et Méditerranéenne* de Perpignan qui m'a permis d'initier mes recherches en stage puis en thèse. Merci aussi au laboratoire *d'Ecologie et de Biologie des Interactions* de Poitiers qui m'a recruté en tant qu'enseignant chercheur en 2012 et qui m'a ainsi donné l'opportunité de poursuivre le métier. Dans un second temps, mes remerciements s'adressent à Grand Poitiers communauté urbaine, l'Agence Nationale de la Recherche, l'Office Français de la Biodiversité mais aussi la région Nouvelle Aquitaine qui soutiennent et prennent en considération mes travaux de recherche.

Je remercie également l'ensemble du laboratoire EBI ainsi que les collaborateurs avec qui j'ai eu le plaisir de travailler et de publier. Merci particulièrement à l'ensemble de l'équipe EES, membres passés et présents. Une attention particulière à la '*team Formation SIG*'...

J'aimerais aussi faire un remerciement global à tous les étudiants que j'ai eu le plaisir de croiser pendant mes enseignements notamment pour leur naïveté scientifique qui apporte spontanéité et fraîcheur dans les questions et projets de recherche : deux caractéristiques qui me semblent indispensables dans le métier.

Sur une facette plus personnelle, j'aimerais remercier mes parents proches et mes amis de toujours et d'aujourd'hui qui m'accompagnent et me supportent au quotidien, quel plaisir de vous avoir à mes côtés.

Sophie, ce travail t'est dédié – quel aventure depuis les bancs de la fac de Perpignan ! Merci pour tes encouragements et ta confiance sans faille, merci pour tout ce que tu es et ce que tu fais.

Enfin merci à toi Louise.

Merci à tous ceux et celles qui ont cru en moi...

Résumé :

A l'heure où les écosystèmes connaissent une évolution sensible sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, les paysages se fragmentent et les populations se retrouvent déconnectées les unes des autres. Parmi les plans de gestion invoqués pour conserver les populations, certains proposent de reconnecter les individus soit par des corridors écologiques soit en les déplaçant. Cependant, en évolution et en biologie de la conservation, la complexité des processus macro et micro évolutifs ne garantit pas toujours le succès de ces plans de gestion. A titre d'exemple, il est difficile de savoir si un repeuplement chez le lagopède alpin, ayant trouvé refuge dans les Pyrénées il y a 10 000 ans, pourrait favoriser une population en situation d'isolat biogéographique alors qu'au même endroit un repeuplement similaire semble néfaste pour les populations de perdrix grises ou encore dans le Var pour les tortues d'Hermann. Ces repeuplements, souvent utilisés pour augmenter la taille des populations et la diversité génétique, proposent de mélanger des individus venus d'ailleurs à des populations devenues fragiles. Cependant, en fonction du temps de séparation entre les individus repeuplés et repeuplant, ces rencontres fortuites peuvent aussi « casser » des adaptations locales chez les populations repeuplées. Ainsi, ces phénomènes de rencontre forcée relèvent des questions de compatibilité génétique à la base de la conservation de la biodiversité et plus généralement de la gestion des populations.

Dans le cadre de cette HDR, ces phénomènes sont résumés en deux filtres dits de « rencontre » et de « compatibilité », filtres théorisés et proposés initialement dans le cadre des interactions hôtes-parasites et réinvestis dans le cadre de cette HDR à la lueur de mes travaux. Ce travail propose ainsi de décrire l'importance de chacun de ces filtres dans la gestion de différentes espèces d'intérêts communautaires comme sanitaires.

Table des matières

1.	Curriculum Vitae	1
a.	Etat civil.....	1
b.	Cursus académique.....	1
c.	Activités de recherche	1
	Thèmes de Recherche.....	2
	Mots clés et nuage de mots.....	2
d.	Publications (revues de rang A)	3
e.	Ouvrages et publications (revues de rang B).....	6
	Ouvrages.....	6
	Publications (rang B) et Valorisations.....	6
f.	Conférences / colloques à comité de sélection.....	7
	Conférences invitées.....	7
	Colloques et congrès.....	8
g.	Financements obtenus	11
	En tant que porteur	11
	En tant que partenaire.....	11
h.	Encadrements / Formation à la recherche	12
i.	Rayonnement scientifique.....	12
j.	Comités de pilotage	13
	Comités de sélection.....	13
	Jurys de thèse	13
	Comités de thèse	14
k.	Responsabilités	14
	Chaire Biodiversité.....	14
	Fonctions en instances locales et nationales.....	14
	Management (Animations et activités contractuelles)	16
	Formation par la recherche	16
l.	Enseignements.....	16
m.	Divers	17
2.	Activités d'enseignements.....	19
a.	Résumé des activités d'enseignements.....	19
b.	Responsabilités	19
	Responsabilité de parcours	19

Responsabilité d'Unités d'Enseignements	20
CNRS Formation Entreprises	23
c. Autres	24
Autres responsabilités	24
UE à forte implication	24
Articulation entre projets étudiants et Chaire Biodiversité	25
3. Activités de Recherche : la génétique au service des populations menacées	27
a. Introduction	27
Résumé de mes recherches	29
b. Structuration génétique des populations de lagopèdes alpins dans les Pyrénées ..	31
Contexte de l'étude	31
Plan de conservation : translocation d'oiseaux	34
Suivi génétique de la population renforcée par les translocations	36
Discussion	38
c. Conservation de la diversité génétique des populations naturelles de perdrix grise : la question des lâchers d'oiseaux d'élevage	41
Contexte de l'étude	41
Conséquence des lâchers de perdrix grise d'élevage en France	42
Conclusion	45
d. Un iguane peut en cacher un autre	47
Les iguanes du groupe 'Guadeloupe'	47
Les iguanes du groupe 'Nord'	48
Les iguanes du groupe 'Sud'	50
Discussion	52
e. La tortue d'Hermann dans le Var	55
Contexte	55
L'étude des populations de tortues d'Herman dans le Var	56
Mesures de conservation	58
f. Le cas des tricots rayés et des murènes à lèvres tachetées du lagon Sud de Nouvelle Calédonie	61
4. La génétique pour étudier les espèces à enjeux de contrôle	65
a. Le parasite Schistosoma mansoni	65
Rôle des primates non humains en tant qu'hôtes réservoirs pour la schistosomiase humaine en Ethiopie	66
L'hybridation et diversité génétique chez Schistosoma haematobium au Cameroun ..	69
b. Le cas des termites à Paris	73

Dynamique des colonies de <i>R. flavipes</i> dans le temps	73
Distribution spatiale et dispersion des individus <i>R. flavipes</i> :	74
5. Les espèces « ordinaires » : des informations précieuses à ne pas négliger.....	75
a. Les isopodes terrestres comme apport de connaissances	76
Wolbachia et dynamique de populations.....	76
Wolbachia et diversité génétique des populations hôtes	77
b. Les isopodes terrestres : outil d'aménagement des territoires - projets.....	80
Évolution spatio-temporelle de la distribution spatiale des connectivités écologiques au sein de GPCU.....	81
Évolution spatio-temporelle de la distribution spatiale des Ilots de Chaleur Urbains au sein de GPCU.....	85
Rôle des espaces agricoles urbains.....	88
6. Discussion	89
Filtres ouverts permettant d'augmenter la diversité génétique	91
Ouvrir le filtre de rencontre pour sauver une population en perte de diversité génétique.	91
Doit-on toujours ouvrir ou laisser ouvert le filtre de rencontre ?	92
Conclusion.....	94
Concept d'espèce biologique et conservation	96
7. Références bibliographiques	99

1. Curriculum Vitae

a. Etat civil

M. BECH Nicolas

Maître de Conférences section 67, grade : MCF, classe normale.

Né à Perpignan le 8 avril 1983.

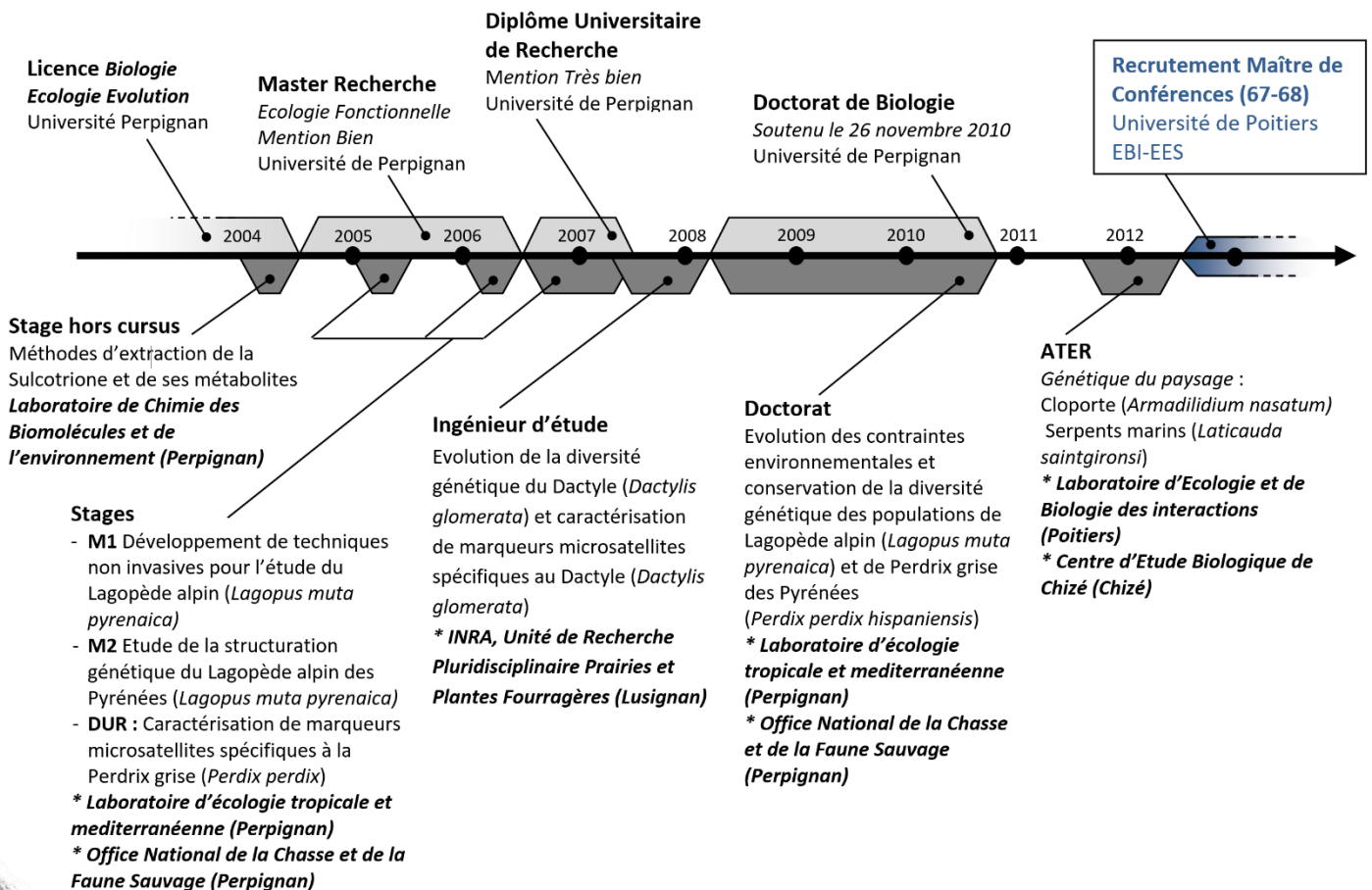
Marié, 1 enfant (*Louise, née en 2014*)

✉ 11, chemin du Bois Doucet,
86800 Saint Julien l'Ars

☎ 06-30-35-31-12

✉ nicolas.bech@univ-poitiers.fr

b. Coursus académique



c. Activités de recherche

Etablissement d'affectation : UFR SFA – Université de Poitiers;
Unité de recherche d'appartenance : [Ecologie et Biologie des interactions UMR 7267 CNRS- Université de Poitiers.](#)



J'ai encadré 27 étudiant.e.s (de la licence au doctorat) et un post-doc avec lesquels j'ai écrit 30 publications de rang A. Ces publications et activités de recherche associées ont été soutenues par l'obtention de 6 projets régionaux ou nationaux en tant que porteur et 4 projets nationaux en tant que collaborateur (cf ci-dessous).

- **H index : 11 ; Nombre de citations : 318** (d'après Google scholar 25/07/2023)
- **Nombre total de publications : 30**
- **My orcid : 0000-0003-3625-3686**

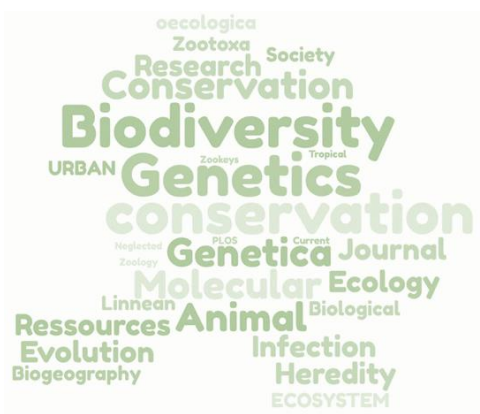
Thèmes de Recherche

A l'heure où les écosystèmes connaissent une évolution sensible sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, mes travaux de recherches s'inscrivent en génétique du paysage et tentent d'évaluer l'impact de ces changements sur la distribution et la variabilité génétique des populations. Dans ce contexte, la convergence des techniques à la fois moléculaires, analytiques et spatiales offre une approche multidisciplinaire (allant des molécules aux populations) permettant d'étudier et comprendre les réponses adaptatives des populations et des individus face à un environnement changeant.

Mots clés et nuage de mots

- Génétique du paysage
- Diversité génétique neutre
- SIG
- Introgression génétique
- Génétique de la conservation
- Flux génique
- Génétique des populations
- Connectivité écologique

Biologie moléculaire : <ul style="list-style-type: none">- Extraction, amplification et purification d'ADN.- Séquençage et génotypage sur<ul style="list-style-type: none">. ADN diploïde et tétraploïde. Organisme clonal.- Microsatellites et mitochondrial.	Informatique : <ul style="list-style-type: none">- SIG : QGIS, ArcGis et Graphab.- Logiciels de génétique des populations : Fstat, Structure, geneland...- Statistiques : R, SPSS, GraphPad...- Bureautiques : Pack office, Photoshop...	Terrain : <ul style="list-style-type: none">- Comptages, radio pistages et prospections galliformes de montagne.- Prélèvements/échantillonnage sur spécimens anciens de muséum et de plantes.- Positionnement par GPS.
--	--	---



d. Publications (revues de rang A)

- 1- I. LITRICO, **N. BECH**, S. FLAJOULOT, D. CADIER, C. GIBELIN & P. BARRE (2008) Cross-species amplification tests and diversity analysis using 56 PCR markers in *Dactylis glomerata* and *Lolium perenne*. **Molecular Ecology Resources**, 9 :159-164. doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02168.x. IF=3
- 2- **N. BECH**, J. BOISSIER, S. DROVETSKI, & C. NOVOA. (2009) Population genetic structure of rock ptarmigan in the ‘Sky Island’ of French Pyrenees : implications for conservation. **Animal conservation**, 12 :138-146. doi.org/10.1111/j.1469-1795.2008.00233.x. IF=2.8
- 3- **N. BECH**, J.F. ALLIENNE, C. NOVOA & J. BOISSIER. (2010) Transferability of microsatellite markers among economically and ecologically important galliform birds. **Genetics and Molecular Research**, 9 :1121-1129. [DOI : 10.4238/vol9-2gmr760](https://doi.org/10.4238/vol9-2gmr760) IF=1.2
- 4- **N. BECH**, S. BELTRAN, J. PORTELA, A. ROGNON, J.F. ALLIENNE, J. BOISSIER & A. THÉRON. (2010) Follow-up of the genetic diversity and snail infectivity of a *Schistosoma mansoni* strain from field to laboratory. **Infection, Genetics and Evolution**, 10 :1039-1045. doi.org/10.1016/j.meegid.2010.06.012. IF=3.2
- 5- **N. BECH**, S. BELTRAN, J.F. ALLIENNE, J. RESSEGUIER. & J. BOISSIER. (2012) Bird mortality related to collisions with ski-lift cables : do we estimate just the tip of the iceberg? **Animal Biodiversity and Conservation**, 35(1): 95-98. [HAL Id: halsde-00728925, version 1](https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-00728925). IF=1.3
- 6- **N. BECH**, E. QUEMERE, C. BARBU, C. NOVOA and J. BOISSIER. (2013) Pyrenean Ptarmigan Decline under Climatic and Human influences through the Holocene. **Heredity**, 111 : 402-409. doi.org/10.1038/hdy.2013.62 IF=3.8
- 7- I. GIRAUD, V. VALETTE*, **N. BECH**, F. GRANDJEAN, R. CORDAUX (2013) Isolation and characterization of microsatellite loci for the isopod crustacean *Armadillidium vulgare* and transferability in terrestrial isopods. **Plos One** 8(10) : 1-6. doi.org/10.1371/journal.pone.0076639 IF=3.5
- 8- V. VALETTE*, Y. BITOME, W. LE CLEC’H, M. JOHNSON, **N. BECH**, F. GRANJEAN (2013) Multi-infections of feminizing *Wolbachia* strains in natural populations of the terrestrial isopod *Armadillidium vulgare*. **Plos One** 8(12) : 1-7. doi.org/10.1371/journal.pone.0082633 IF=3.5
- 9- **N. BECH**, S. MANEL, E. BRO, C. NOVOA, B. BIJAOU GEORGE*, S. BELTRAN, and J. BOISSIER (2014) Genetic connectivity of the grey partridge in central northern France in a highly man dominated landscape. **Conservation Genetics** 15 : 1001-1011. doi.org/10.1007/s10592-014-0594-z IF=1.8
- 10- S. MASSON*, C. FAIVRE*, R. CORDAUX, C. SOUTY GROSSET, C. DELAUNAY, D. BOUCHON, **N. BECH**. (2014) Development of a microsatellite primer set to investigate the genetic structure of *Armadillidium nasatum* (Crustacea, Oniscidea). **Journal of Genetics** 93(2) : 545-9. doi.org/10.1007/s12041-014-0400-1 ; IF=1.1

- 11- N. BECH, T. FOUCAIT*, T. FAUVEL, F. BRISCHOUX, D. BOUCHON, X. BONNET. (2016) Phenotypic variation contrasts with genetic homogeneity across scattered sea snake populations. **Journal of Biogeography**. 43(8) : 1573-1582. doi.org/10.1111/jbi.12735 IF=3.99
- 12- C. MICHAUD, C. CHUPEAU*, N. BECH, M. THIERRY, M. SICARD, P. GREVE, S. BELTRAN-BECH (2016) Isolation, characterization and PCR multiplexing of microsatellite loci for two sub-species of terrestrial isopod *Porcellio dilatatus* (Crustacea, Oniscidea). **Genetica** 144 :223-228. [doi : 10.1007/s10709-016-9892-3](https://doi.org/10.1007/s10709-016-9892-3) IF=1.3.
- 13- V. VALETTE*, S. DURAND, N. BECH, F. GRANDJEAN, S. BELTRAN-BECH (2017) Multiple paternity in a wild population of *Armadillidium vulgare* : influence of infection with *Wolbachia*? **Journal of Evolutionary Biology** 30(2) :235-243. [doi : 10.5061/dryad.tj7k5](https://doi.org/10.5061/dryad.tj7k5) IF=2.74.
- 14- N. BECH, C. DEPEUX*, S. DURAND, C. DEBENEST, A. LAFFITE, S. BELTRAN-BECH (2017) When GIS zooms in : Spatio-genetic maps of multipaternity in *Armadillidium vulgare*. **Genetica** 145(6) :491-502; [doi : 10.1007/s10709-017-9992-8](https://doi.org/10.1007/s10709-017-9992-8). IF=1.3. [[Lien vers la cartographie de l'article](#)].
- 15- G. BAUDOIN, F. DEDEINE, N. BECH, S. BANKHEAD-DRONNET, S. DUPONT, A.G. BAGNÈRES (2017) An American termite in Paris : temporal colony dynamics. **Genetica** 145(6) :503-512; [doi : 10.1007/s10709-017-9991-9](https://doi.org/10.1007/s10709-017-9991-9). IF=1.3.
- 16- G. Baudouin, N. Bech, F. Dedeine, A.G. Bagnères (2018) Spatial and genetic distribution of a north American termite, *Reticulitermes flavipes*, across the landscape of Paris. **Urban Ecosystem** 21 : 751-764; <https://doi.org/10.1007/s10709-017-9991-9> IF=2.49
- 17- C. RIBOUT, N. BECH, M.J. BRIAND, D. GUYONNET, Y. LETOURNEUR, F. BRISCHOUX, X. BONNET (2018) A lack of spatial genetic structure of *Gymnothorax chilospilus* (moray eel) suggests peculiar population functioning. **Biological Journal of the Linnean Society** 125 : 142-151 [doi : 10.1093/biolinnean/bly107](https://doi.org/10.1093/biolinnean/bly107). IF= 2.23
- 18- M. BREUIL, B. VUILLAUME, D. SCHIKORSKI, U. KRAUSS, M. N. MORTON, P. HAYNES, J. C. DALTRY, E. CORRY, G. GAYMES, J. GAYMES, N. BECH, M. JELIC, F. GRANDJEAN (2019) A story of nasal horns : two new subspecies of *Iguana Laurenti*, 1768 (Squamata, Iguanidae) in Saint Lucia, Saint Vincent & the Grenadines, and Grenada (Southern Lesser Antilles) and its implications for the taxonomy of the genus *Iguana*. **Zootaxa** 4608 (2) : 201-232. DOI : [http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4608.2.1](https://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4608.2.1) ; [biorxiv](https://www.biorxiv.org/). IF= 0.95
- 19- S. DURAND, F. GRANDJEAN, I. GIRAUD, R. CORDAUX, S. BELTRAN-BECH, N. BECH (2019) Fine-scale population structure analysis in *Armadillidium vulgare* (Isopoda : Oniscidea) reveals strong female philopatry. **Acta oecologica** 101 [arXiv :1807.03059](https://doi.org/10.1016/j.actoec.2019.03.005). IF=1.69
- 20- J.M. BALLOUARD, S. CARON, R. GAYRAUD, F. ROZEC, A. BESNARD, N. BECH, X. BONNET (2019). Relative and absolute detection of hermann' tortoise by dogs before

* Stagiaires et thésards publiant

- land management. **Biodiversity and conservation** 28 (14) : 4027-4045. DOI : <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01863-z>. IF=3.14
- 21- N. BECH, C. NOVOA, J.F. ALLIENNE, J. BOISSIER, E. BRO. Quantifying genetic distance between wild and captive strains of grey partridge *Perdix perdix* in France : conservation implications (2019). **Biodiversity and conservation** 29 : 609–624. <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01901-w>. IF=3.14
- 22- M. BREUIL, D. SCHIKORSKI, B. VUILLAUME, U. KRAUSS, M. N. MORTON, E. CORRY, N. BECH, M. JELIC, F. GRANDJEAN (2020) Painted black : *Iguana melanoderma* (Reptilia, Squamata, Iguanidae) a new melanistic endemic species from Saba and Montserrat islands (Lesser Antilles). **Zookeys** 926 : 95-131. <https://doi.org/10.3897/zookeys.926.48679>. IF=1.143.
- 23- T. KEBEBE, N. BECH, JF ALLIENNE, O. REY, E. BERHANU, J. BOISSIER. Genetic evidence for the role of non-human primates as reservoir hosts for human schistosomiasis (2020) **PLOS Neglected Tropical Diseases**. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008538>. IF= 4.37.
- 24- N. BECH, S. BELTRAN-BECH, C. CHUPEAU*, J. PECCOUD, M. THIERRY, R. RAIMOND, Y. CAUBET, M. SICARD, P. GREVE. (2021) Experimental evidence of *Wolbachia* introgressive acquisition between terrestrial isopod subspecies. **Current Zoology** 67(4) : 455-464. <https://doi.org/10.1093/cz/zoaa078>. IF=2.35.
- 25- M. BREUIL, D. SCHIKORSKI, B. VUILLAUME, U. KRAUSS, J. C. DALTRY, G. GAYMES, J. GAYMES, O. LEPAIS, N. BECH, M. JELIC, T. BECKING, F. GRANDJEAN. (2022) *Iguana insularis* (Iguanidae) from the southern Lesser Antilles : An endemic lineage endangered by hybridization. **Zookeys** 1086 : 137-161. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1086.76079>. IF=1.54.
- 26- F. F. D. TEUKENG, M. BLIN, N. BECH, M. R. GOMEZ, R. ZEIN-EDDINE, A. M. K. SIMO, J. F. ALLIENNE, L. A. TCHUEM-TCHUENTE (2022) Hybridization increases genetic diversity in *Schistosoma haematobium* populations infecting humans in Cameroon. **Infectious Diseases of Poverty – BMC** 11-37. <https://doi.org/10.1186/s40249-022-00958-0>. IF=3.02.
- 27- E. MORIN*, P.A. HERRAULT, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, N. BECH (2022) The promising combination of a remote sensing approach and landscape connectivity modelling at a fine scale in urban planning. **Ecological Indicators** 139 : 1-13. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108930>. IF=6.9.
- 28- N. BECH, D. NIVELLE, S. CARON, JM BALLOUARD, V. ARNAL, D. ARSOVSKI, A. Golubović, X. BONNET, C. MONTGELARD (2022) Extent of introgressive hybridization in the Hermann's tortoise (*Testudo hermanni hermanni*) from the south of France. **European Journal of Wildlife Research**, 68 :37. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01585-8> IF=1.93.
- 29- S. DURAND, B. LHERAUD, I. GIRAUD, N. BECH, F. GRANDJEAN, T. RIGAUD, J. PECCOUD, R. CORDAUX (2023) Distribution of sex ratio distorters in natural populations of the

* Stagiaires et thésards publiant

- isopod *Armadillidium vulgare*. **Biology letters** 19 : 20220457. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2022.0457> IF= 3.8.
- 30- H. ROYER*, J.L. YENGUE, N. BECH (2023) Urban agriculture and its biodiversity : what is it and who lives there? **Agriculture, Ecosystems and Environment** 346 : 108342. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2023.108342> IF= 6.6.
- 31- E. MORIN*, N. TOLOTRA*, Y. GUINARD, J.L. YENGUE, F. GRANDJEAN, N. BECH (2023) Mapping past land cover on Poitiers in 1993 at Very High Resolution using GEOBIA approach and open data **Data in brief** <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4545800> IF= 1,2.
- 32- E. MORIN*, N. TOLOTRA*, Y. GUINARD, J.L. YENGUE, F. GRANDJEAN, N. BECH (2023) A complete framework based on remote sensing and landscape ecology modelling to investigate spatio-temporal landscape changes and its potential impacts on landscape connectivity. *Submitted in Journal of Environmental Management* IF= 8,9
- 33- M. RENOIRT, N. BECH, F. ANGELIER, C. RIBOUT, M. CHERON, F. BRISCHOUX (2023) Does agricultural landscape influence population genetics in a widespread terrestrial amphibian? *Submitted in Journal of Zoology* IF= 2.39.

e. Ouvrages et publications (revues de rang B)

Ouvrages

- N. BECH N & NOVOA C. (2022) Rock ptarmigan *Lagopus muta*. Pp. 15-30 in POWOLNY T. & CZAJKOWSKI A. (eds). Conservation and Management of Game Birds in Europe. Species of Annex II/A of the Birds Directive. OMPO Publication. Paris, France. p. 464.
- ALARD D., ANGELIER F., BARRAQUAND F., BECH N., BRETAGNOLLE V., BRUNET Y., CLAUSE J., GARCIA P., GUINARD Y., HOUTE S., MARCHAND L., MBOLATIANA R., MENCH M., PINAUD D., POLARD T., REVERS F., SAHRAOUI Y., TAABNI M., YENGUE J.L. (2020) Chapitre 5 : Socio-écosystème des territoires urbains & artificialisés. In : [ECOBIOSE](#).

Publications (rang B) et Valorisations

*Je fais rayonner mes recherches auprès du grand public que ce soit au travers de la FETE DE LA SCIENCE mais aussi au travers de communiqués publiés dans les presses locales telles que « Point Commun », « Microscop » (magazine interne à l'université de Poitiers et à la [DR8](#) respectivement), ou « Midi Libre ». J'ai également été invité à une **Table ronde** animée par Alain Baraton (2019) sur « Les pouvoirs de l'arbre », organisée par la Communauté Urbaine de Grand Poitiers.*

* Stagiaires et thésards publiant

- E. MORIN*, **N. BECH**, F. GRANDJEAN, Y. GUINARD (2022) La télédétection pour mieux étudier nos territoires. **Microscoop**, revue CNRS-DR8, N°86, page 6-7.
- C. BELTRAN, **N. BECH**, L. BOTTI (2022) Une lecture de la proximité sociale au prisme de la géographie : le cas de la destination touristique Pyrénées Ariégeoises. [Sud-Ouest Européen](#).
- M. BREUIL, D. SCHIKORSKI, B. VUILLAUME, U. KRAUSS, M. N. MORTON, E. CORRY, **N. BECH**, M. JELIC, F. GRANDJEAN (2020) Protecting Saba's Painted Black Iguanas. [DCNAnature](#) 34.
- A. BERTHELOM*, A. BROSSE*, V. LOISEAU*, J. BARON-BOUCHON, R. RAIMOND, D. BOUCHON **N. BECH** (2015) Évaluation et valorisation du potentiel écologique sur le campus de l'Université de Poitiers : étude de la biodiversité aviaire. **Outarde**, 51 : 5-11.
- C. NOVOA, **N. BECH**, E. BRO, J. RESSEGUIER, R. MARTINEZ-VIDAL, D. GARCIA FERRE, J. SOLA DE LA TORRE, J. BOISSIER. (2014) A translocation experiment for improving the genetic diversity of an isolated population of Pyrenean rock ptarmigan (*Lagopus muta pyrenaica*). **Grouse news**, 47 : 11-18.
- **N. BECH**, C. NOVOA, E. BRO, J. BOISSIER. (2012) Conservation de la diversité génétique des populations naturelles de perdrix grises : la question des lâchers d'oiseaux d'élevage. **Faune Sauvage**, 297 : 10-14.
- C. NOVOA, **N. BECH**, J. BOISSIER. (2011) Biodiversité à tous les étages : Lagopèdes des Pyrénées : isolement géographique et diversité génétique. **Mountain Wilderness**, 86 : 10-11.
- **Presses/Magazines** : [Newsletter Université de Poitiers](#), Point Commun (interne à l'université de Poitiers), MicroScoop, Terre Sauvage, Passion Rando, Midi Libre, Radio Bleu Roussillon (etc).
- **Table ronde** : *Les pouvoirs de l'arbre* organisée par la Communauté Urbaine de Grand Poitiers et animée par Alain Baraton (2019).

f. Conférences / colloques à comité de sélection

Conférences invitées

N. BECH : L'apport de la génétique pour la gestion des populations de lagopèdes alpins et de perdrix grises dans les Pyrénées, Perpignan 24 février 2020.

N. BECH : Etude de l'introgession génétique des perdrix grises en France, Chizé 24 janvier 2017.

N. BECH : La biodiversité : définition, implication, conservation, Niort 11 octobre 2017.

* Stagiaires et thésards publiant

Colloques et congrès

- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. Corridors écologiques et connectivité dans un paysage changeant. Journée du DiPEE (Poitiers) **2022, Communication orale**.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. La télédétection à très haute résolution spatiale : quelle contribution pour la connectivité paysagère ? Les Doctoriales de la biodiversité BIOSENA (Le Teich) **2022, Communication affichée**.
- E. MORIN*, N.T. RAZAFIMBELO*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. Étudier les changements spatio-temporels de la connectivité paysagère à fine échelle via les outils et méthodes de télédétection. Petit Pois Dérivé (Lille) **2022, Communication orale**.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. Combiner les approches de télédétection à très haute résolution spatiale et l'écologie du paysage. 4e journées d'étude ESPI2R – Qu'est-ce qu'artificialiser veut dire ? (Paris) **2022, Communication orale**.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. On the contribution of remote sensing at very high-resolution in urban landscape connectivity modelling : an object-based approach.. *BES-SFE2 Congress 2021. Liverpool – online. Communication affichée*.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. La télédétection à très haute résolution en milieu urbain : quels apports pour la connectivité paysagère. Rencontres d'Ecologie des Paysages (SFE²) (Rennes) **2021, Communication orale**.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. How urban landscape shapes the populations' genetic structure of *Armadillidium nasatum*? ISTIB (en ligne) **2021, Communication orale**.
- N. BECH**. Journée de restitution des projets *PEPS* des années 2016 à 2019 (Paris) **2020**.
- E. MORIN*, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. Corridors écologiques et connectivité dans un paysage changeant. [Premières Rencontres BIOSENA](#) (Bordeaux) **2019, Communication affichée**.
- H. PAULHAC, **N. BECH** : Suivi de biodiversité : distribution de l'avifaune sur le campus de l'Université de Poitiers. Congrès Ecocampus 4 (Poitiers) **2019, Communication affichée**.
- E. MORIN*, F. GRANDJEAN, **N. BECH**. Structuration génétique d'un isopode terrestre (*i.e. Armadillidium nasatum*) au sein d'un paysage agropastoral. Rencontres Ecologie du paysage (SFE²) (Bordeaux) **2019, Communication orale**.
- N. BECH**, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN. Corridors écologiques et connectivité dans un paysage changeant. Rencontres Ecologie du paysage (SFE²) (Bordeaux) **2019, Communication affichée**.

* Stagiaires et thésards publiant

- N. BECH**, D. NIVELLE*, S. CARON, J.M. BALLOUARD, V. ARNAL, X. BONNET, C. MONTGELARD. Cartographie et structuration génétique de la Tortue d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) dans le Var. Petit Pois Dérivé (Paris) **2019, Communication orale.**
- N. BECH**, Y. GUINNARD, F. GRANDJEAN. Corridors écologiques et connectivité dans un paysage changeant. Petit Pois Dérivé, (Paris) **2019, Communication affichée.**
- D. NIVELLE*, **N. BECH**, X. BONNET, J.M. BALLOUARD, S. CARON : Cartographie de la distribution et de la connectivité spatiales des populations de tortue d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) dans le Var (83). Le printemps des cartes (Montmorillon), **2018, Communication affichée.**
- C. DEPEUX*, **N. BECH**, C. DEBENEST, S. DURAND, A. LAFITTE, S. BELTRAN-BECH : La cartographie en biologie : le marsupium du cloporte. Le printemps des cartes (Montmorillon) **2018, Communication affichée.**
- D. NIVELLE*, S. CARON, J.M. BALLOUARD, C. MONTGELARD, V. ARNAL, X. BONNET, **N. BECH** : Cartographie et structuration génétique de la Tortue d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) dans le Var. 45^{ème} congrès de la Société d'Herpétologie Française (Saint Flour) **2017, Communication orale.**
- N. BECH**, J. BOISSIER, J.F. ALLIENNE , C. NOVOA, E. BRO. Quantifying genetic distance between wild and captive strains of grey partridge *Perdix perdix* in France. IUGB 2017 (Montpellier) **2017, Communication affichée.**
- G. BAUDOIN, F. DEDEINE, **N. BECH**, S. DUPONT, A.G. BAGNÈRES : Introduction and dispersal of an American termite in Paris. International Conference on Ecological Sciences (Marseille) **2016, Communication orale**
- N. BECH**, C. DEPEUX*, S. DURAND, C. PRIGOT, C. DEBENEST, S. BELTRAN-BECH : Atlas géo-génétique de la sélection sexuelle chez les isopodes terrestres. Petit Pois Dérivé (Amiens) **2016 Communication orale.**
- J.M. BALLOUARD, S. CARON, R. GAYRAUD, F. ROZEC, A. BESNARD, **N. BECH**, X. BONNET : Efficacité relative des chiens pour la détection de la tortue d'Hermann, un atout pour leur conservation. Congrès de la Société d'Herpétologie Française (Namur-Belgique) **2016 Communication orale.**
- N. BECH**, C. CHUPEAU*, C. MICHAUD, M. SICARD, M. THIERRY, J. PECCOUD, Y. CAUBET, R. RAIMOND, S. BELTRAN-BECH, P. GREVE : Transmission de *Wolbachia* : hybridation au sein du complexe d'espèces *Porcellio dilatatus*. REseaux des Interactions Durables (Poitiers) **2016, Communication orale.**
- S. BELTRAN-BECH, C. MICHAUD, C. CHUPEAU*, M. SICARD, M. THIERRY, D. BOUCHON, Y. CAUBET, R. RAIMOND, **N. BECH**, P. GRÈVE Cytoplasmic incompatibility induced by *Wolbachia* in the terrestrial isopod *Porcellio dilatatus*. REseaux des Interactions Durables (Poitiers) **2016, Communication affichée.**

* Stagiaires et thésards publiant

- S.DURAND, V. VALETTE*, **N. BECH**, S. BELTRAN-BECH, F. GRANDJEAN. Wolbachia Infection Can Affect Multiple Paternity in *Armadillidium Vulgare*. Réunion annuelle du Réseau Ecologie des Interactions Durables (Poitiers) **2016, communication orale**.
- S.DURAND, V. VALETTE*, **N. BECH**, S. BELTRAN-BECH, F. GRANDJEAN. Multiple Paternity in a Wild Population of *Armadillidium Vulgare* : Influence of Infection by Wolbachia? Ecology and Behaviour (Lyon) **2016, communication orale**.
- S.BELTRAN-BECH, C. MICHAUD, C. CHUPEAU*, M. SICARD, M. THIERRY, D. BOUCHON, Y. CAUBET, R. RAIMOND, **N. BECH**, P. GRÈVE Cytoplasmic incompatibility induced by *Wolbachia* in the terrestrial isopod *Porcellio dilatatus*. REseaux des Interactions Durables (Lyon) **2015, Communication affichée**.
- V. VALETTE*, S. DURAND, M. MAILLARD, S. BELTRAN-BECH, **N. BECH**, F. GRANDJEAN : Multiple paternities in *Armadillidium vulgare* : impact of *Wolbachia* infection? ISTIB (Poitiers) **2014, Communication orale**.
- V. VALETTE*, S. DURAND, M. MALLARD, **N. BECH**, S. BELTRAN-BECH, F. GRANDJEAN : Influence of *Wolbachia* infections on multi paternity in *Armadillidium vulgare*. Petit Pois Dérivé (Paris) **2014, Communication orale**.
- V. VALETTE*, Y. BITOME, W. LE CLECH, J. M., **N. BECH** AND F. GRANDJEAN : Characterization and Dynamics of Multi-Infections of Feminizing *Wolbachia* Strains in Natural Populations of the Terrestrial Isopod *Armadillidium Vulgare*. Petit Pois Dérivé (Marseille) **2013, Communication affichée**.
- N. BECH** : Evaluating the impact of *Wolbachia* on the demographic history of a terrestrial crustacean (*Armadillidium nasatum*) : Hypotheses and project. Petit Pois Dérivé (Marseille) **2013, Communication orale**.
- N. BECH** : Evaluating the impact of *Wolbachia* on the demographic history of a terrestrial crustacean (*Armadillidium nasatum*) : Hypotheses and project. Workshop SSMPG (Aussois) **2013, Communication affichée**.
- N. BECH**, C. NOVOA, E. BRO AND J. BOISSIER : "Impact of habitat fragmentation on the genetic structure of Pyrenean grey partridge populations". IUGB and Perdix XIII (Barcelone) **2012 Communication affichée**.
- C. NOVOA, J. RESSEQUIER, R. MARTINEZ-VIDAL, M. MOSSOLL TORRES, D. GARCIA FERRER, L. RIBA MANDICÓ, **N. BECH** AND J. BOISSIER : "Restauration of the genetic diversity of a Pyrenean rock ptarmigan population by translocation : Preliminary results". IUGB and Perdix XIII (Barcelone) **2011 Communication affichée**.
- N. BECH**, C. BARBU, E. QUEMERE, C. NOVOA AND J. BOISSIER : "Impact de l'augmentation de la température sur le paysage et la génétique des populations d'altitude". Ecologie 2010 (Montpellier) **2010 Communication affichée**.
- N. BECH**. Doctoriales transfrontalières (Palma de Mallorca) **2009, Communication affichée**.

* Stagiaires et thésards publiant

N. BECH, C. NOVOA AND J. BOISSIER : "Impact de la fragmentation des paysages sur la structuration génétique des populations de Perdrix grise (*Perdix perdix*)". 31^{ème} Petit Poids Dérivé (Grenoble) **2009, Communication orale. 1^{er} prix de la meilleure présentation orale.**

N. BECH, J. BOISSIER, S. DROVETSKI, AND C. NOVOA : "Structuration génétique des populations de Lagopède alpin (*Lagopus muta pyrenaica*) sur les "Sky Islands" des Pyrénées. Implication pour la conservation". 30^{ème} Petit Poids Dérivé (Rennes) **2008, Communication orale.**

g. Financements obtenus

En tant que porteur



- **2022-2025 : Région Nouvelle Aquitaine / Grand Poitiers Communauté Urbaine :** Impact des îlots de chaleur urbains sur les Organismes Vivants et pistes de gestion (*ILOVIE*), [110k€].



- **2021-2025 : ANR (RECODE) :** *Rethinking Ecological Corridor Design : a historical and genetically-based approach.* [306k€].



- **2020-2023 : Région Nouvelle Aquitaine / Grand Poitiers Communauté Urbaine :** [*SERVICES écosystémiques des espaces Agricoles dans les villes de la Nouvelle Aquitaine \(SERANA\)*](#), [112k€].



- **2019-2022 : Région Nouvelle Aquitaine / Grand Poitiers Communauté Urbaine :** *Repenser la conception des corridors écologiques : une approche basée sur l'Histoire et la génétique*, [101k€].



- **2019 : PEPS-2019 EcoMob :** CORECO : Corridors écologiques : efficacité et effectivité dans un paysage changeant » [13k€]

- **2014 : Fédération de Recherche en l'Environnement pour le Développement Durable (FREDD - FR 3097 CNRS) :** *Activités anthropiques et macrofaune du sol : structuration génétique d'une espèce clé dans un paysage agropastoral* [3k€].

En tant que partenaire



- **2022-2026 : Office Français de la Biodiversité :** *Ilots de chaleur urbains et organismes vivants : diagnostics et propositions (INOV)*, [267k€].



- **2020-2024 : ANR (SymChroSex) (implication 5%) :** *Characterization of a sex-chromosome born from a feminizing endosymbiont genome* [280k€].

ANR - 2016-2018 : ANR (CYTOSEXDET) (implication 10%) : *Genetic Bases and Evolutionary Consequences of Symbiont-Driven Sex Determination* [].

- 2015-2016 : Convention de partenariat de recherche N°2014/12/6171 : Génétique Perdrix : Caractérisation génétique de la perdrix grise de plaine : effet des densités et des pratiques cynégétiques [30k€].

h. Encadrements / Formation à la recherche

Année	Université	Nom et prénom du stagiaire	Niveau (<i>publications</i>)	Durée	Taux d'encadrement
Thèses					
2022 / 2025	Poitiers	Axel Jame	Doctorat	<i>En cours</i>	50%
2020 / 2023	Poitiers	Hélène Royer	Doctorat (<i>1 publication acceptée</i>)	<i>En cours</i>	50%
2019 / 2022	Poitiers	Elie Morin	Doctorat (<i>2 publications acceptées</i>)	3 ans	50%
2012 / 2015	Poitiers	Victorien Valette	Doctorat (<i>3 publications acceptées</i>)	3 ans	50%
Stages					
2023	Poitiers	Pierre Jouanet	Licence 3	1,5 mois	80%
2022	Poitiers	Orlane Goubault	Licence 3	1.5 mois	80%
2022	Poitiers	Erwann Drujont	Master 2	6 mois	50%
2021	Poitiers	Ny Tolotra	Master 2 (1 publication en cours)	6 mois	100%
2020	Poitiers	Anne Piron	Licence 3	2 mois	80%
2019	Poitiers	Célia Lustre	Master 1	2 mois	80%
2019	Poitiers	Adrien Mathou	Licence 3	1.5 mois	50%
2018	Poitiers	Valentin Libert	Licence 3	1.5 mois	50%
2017	Poitiers	Elie Morin	Master 1	2 mois	80%
2017	Poitiers	Anne Sophie Faber	Master 1	2 mois	80%
2017	Poitiers	Damien nivelle	Master 2 (1 publication acceptée)	6 mois	80%
2016	Poitiers	Mathilde Delage	Licence 3	1 mois	100%
2016	Poitiers	Damien nivelle	Master 1	2 mois	100%
2016	Poitiers	Anastasia Horochowska	Master 1	2 mois	100%
2016	Poitiers	Charlotte Depeux	Master 1 (<i>1 publication acceptée</i>)	2 mois	50%
2015	Poitiers	Antoine Brosse	Master 1	2 mois	50%
2015	Poitiers	Cassandra Chupeau	Master 2 (1 publication acceptée)	6 mois	50%
2014	Poitiers	Alexandre Berthelom	Master 1	2 mois	80%
2013	Poitiers	Séverine Masson	Master 2 (1 publication acceptée)	6 mois	80%
2012	Poitiers	Thomas Foucart	Master 2 (1 publication acceptée)	6 mois	80%
2012	Poitiers	Cédric Faivre	Master 2	6 mois	80%
2009	Perpignan	Benjamin Marc Bijaoui Georget	Master 1	6 mois	70%
2008	Perpignan	Matthieu Blanchard	Master 1	6 mois	85%
2007	Perpignan	David Ripoll	Master 1	6 mois	85%

i. Rayonnement scientifique

- 'Recommender' pour [PCI Ecology](#) (> [Lien](#)).

- 'Reviewer' pour les revues : Molecular Ecology, Auk, Conservation Genetics (x8), Zoology, Plos one, Biological Journal of the Linnean Society, Canadian Journal of Zoology, European Journal of Wildlife research (x2), BMC Research Note, Population Ecology, Journal of Wildlife management, Wildlife Biology in practice, Hungarian Scientific Research Fund (OTKA), Research and Reports in Biology, PCI Ecology...

- **2020 : Expert pour le programme Jeunes Talents France L'Oréal-UNESCO Pour les Femmes et la Science.** Ce programme a pour but de soutenir financièrement les travaux de recherche de jeunes femmes scientifiques (en post doc ou en thèse) (20 dossiers évalués).

- **2017 : Expertise pour la SOPTOM ([Station d'Observation et de Protection des Tortues et de leurs Milieux](#)) :** Cartographie et structuration génétique de la Tortue d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) dans le Var.

- **2011-2014 Expertise pour l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage :** Suivi génétique d'individus de lagopède alpin introduits à des fins de renforcement de populations naturelles.

- **2012 Expertise pour l'élevage d'Estერი d'Aneu (Espagne) :** Estimation de la diversité et de la différenciation génétique des perdrix grises d'élevages d'Andorre. Cette prestation de services a pour but de constituer un élevage conservatoire de perdrix grises génétiquement proches des populations sauvages des Pyrénées qui seront renforcées à des fins de conservation mais aussi cynégétiques.

- **2009 Expertise pour le gouvernement d'Andorre :** Evaluation de l'introggression génétique des perdrix grises Andorranes par des perdrix grises d'élevages.

j. Comités de pilotage

Comités de sélection

- **Membre extérieur du comité de sélection** (COS extérieur) pour le recrutement Maître de Conférence n°785 à Montpellier (2018).

- **Membre extérieur du comité de sélection** (COS extérieur) pour le recrutement Maître de Conférence n°215 à Montpellier (2014).

Jurys de thèse

- **Examinateur de la thèse** d'Igor BOYER : *Importance du niveau intraspécifique dans les modèles de distribution pour la conservation d'ectothermes en réponse au changement climatique et à la structure du paysage* (16 mai 2023). Université de Tours.

- **Examinateur de la thèse** de Guillaume Baudouin : *Mode et dynamique de propagation d'un termite américain à Paris* (décembre 2017). Université de Tours.

- **Examinateur de la thèse** de Andréaz Dupoué : *Influence de la qualité de l'habitat et importance des compromis éco-physiologiques chez un reptile emblématique du bocage, la vipère aspic (*Vipera aspis*)* (novembre 2014). Université de La Rochelle.

- **Examinateur de la thèse** de Stéphane Lecq : *Importance de la structure des haies, des lisières et de la disponibilité en abris sur la biodiversité, implications en termes de gestion* (19 décembre 2013). Université de La Rochelle.

Comités de thèse

- **Membre du comité de thèse** de Amos Onyekwere (octobre 2020 et septembre 2021), Université de Perpignan.
- **Membre du comité de thèse** de Boris Savassi (Mars 2018 et novembre 2019), Université de Perpignan.
- **Membre du comité de thèse** de Clémentine Préau (Mars 2017), Université de Poitiers.
- **Membre du comité de thèse** de Séverine Masson 2014 et 2015, Université de Pau.
- **Membre du comité de thèse** de Guillaume Baudouin (Mars 2015), Université de Tours.

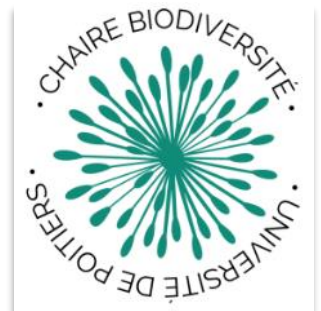
k. Responsabilités

Chaire Biodiversité

Responsable de la Chaire Biodiversité de l'Université de Poitiers (équipe transversale entre différentes structures).

Créée en septembre 2021, la Chaire Biodiversité est portée par un comité de pilotage de 11 personnes que j'anime. Elle a pour vocation de fédérer des chercheurs de différentes disciplines et des acteurs locaux du monde socio-économique (collectivités, associations, entreprises...) afin de faciliter les rencontres et soutenir des projets dédiés à la biodiversité. Fédératrice, la chaire représente un point d'entrée identifiable par les structures qui souhaitent travailler voire investir dans des projets en lien avec la biodiversité.

- <https://chaire-biodiversite.univ-poitiers.fr/>



Des espèces patrimoniales menacées dans la Vienne (86), comme le circaète Jean-le-Blanc, à l'étude des tiques en milieux urbains, en passant par les travaux sur les cyanobactéries dans le lac de Saint-Cyr (86) ou encore sur la décomposition des matières organiques et la biodiversité des sols dans le châtelleraudais, la Chaire Biodiversité a pu soutenir, depuis sa création, de nombreuses actions de recherches et plus d'une dizaine de projets étudiants en inventaires naturalistes, analyses de données et médiation scientifique.

Fonctions en instances locales et nationales

- **Membre du Conseil National des Universités section 67 (CNU), de 2019 à 2023.**
Parmi ses fonctions, le CNU a notamment pour but de se prononcer scientifiquement sur la qualification, au recrutement et à la carrière des professeurs des universités et des maîtres de conférences.

Type de sessions	Nombre de sessions réalisées
<i>Suivi de carrière</i>	4
<i>Avancement de grade</i>	1
<i>Prime individuelle</i>	1
<i>Qualification</i>	1

- **Membre de la Commission d'Établissement Scientifiques (CES) de l'Université de Poitiers de 2016 à 2022.** Cette commission impliquant les sections CNU de 64 à 69. De plus, elle valide scientifiquement les classements des candidats aux postes d'ATER mais aussi des Enseignants-Chercheurs dans les commissions d'interclassement liées à leur avancement au sein de l'Université de Poitiers.
- **Chargé de communication CNRS du laboratoire Ecologie et Biologie des Interactions (UMR CNRS 7267) 2017-2021.** Cette fonction se traduit par la mise en place d'actions internes et externes relatives à la diffusion des travaux du laboratoire. A titre d'exemples, ces actions englobent :
 - L'organisation, chaque année, de la « [Fête De la Science](#) » mais aussi du « *Printemps de la Recherche* » (> ce dernier étant organisé par l'Université de Poitiers),
 - Le recensement des articles à comité de lecture du laboratoire
 - Le recensement et diffusion des actions *comm'* réalisées par les membres du laboratoire (*n=98 sur la période*),
 - La participation à la mise à jour du site internet du laboratoire,
- **Membre du comité de pilotage du Schéma Directionnel du développement Durable de l'Université de Poitiers depuis 2014.** Ce comité vise à mettre en place des actions en adéquation avec le cadre du développement durable que propose la charte du label '[éco-campus](#)' qu'a récemment obtenu l'Université de Poitiers. J'interviens dans ce comité de pilotage en tant qu'expert 'biodiversité' suite à mes travaux menés sur le suivi de l'avifaune et les analyses de connectivités écologiques du campus.

→ Au sein du campus de l'Université de Poitiers, ces travaux ont recensé plus de 60 espèces d'oiseaux et ont mis en évidence la présence de corridors écologiques qui vont être pris en compte dans la gestion et l'aménagement des espaces au sein du campus - cf détails partie « [Activités d'enseignements](#) ».

Ce comité de pilotage m'a permis de présenter mes travaux en écologie du paysage auprès des instances politiques, certes de l'Université de Poitiers, mais également de la mairie de Poitiers avec qui je travaille depuis. Cette collaboration s'effectue au travers de deux encadrements de thèses qui visent (i) à étudier la perception de la biodiversité dans les espaces agricoles urbains de l'agglomération de Poitiers et (ii) à déterminer les corridors écologiques au cœur de la ville de Poitiers afin d'orienter les Trames Vertes et Bleues en son sein.

- Membre du Conseil Scientifique de la [SOPTOM](#) (Var, 83), depuis 2016. Ce conseil scientifique vise à définir les axes prioritaires des études scientifiques menées par la SOPTOM sur l'herpétofaune.
- Membre du Conseil Scientifique de **GEREPI** : Association de gestion de la [Réserve Naturelle Nationale du Pinail](#), depuis 2021.



Management (Animations et activités contractuelles)

- Responsable de l'organisation du **Petit Pois déridé 2023 à Poitiers**
- Membre du comité scientifique du **Petit Pois déridé 2017** à Orsay et **2019** à Gif sur Yvette.
- Membre organisateur du congrès ISTIB **2014**.
- Membre organisateur du congrès *Wolbachia* **2012**.



Formation par la recherche

- Responsable de la deuxième année de Master du parcours [Génie Ecologique](#), depuis 2020.
 - Responsable des stages de Master 1 d'écologie de l'Université de Poitiers de **2014 à 2019** (Et président du jury pour les soutenances des stages).
 - Responsable et mise en place de l'outil SIG au niveau Master 1 et 2 à l'échelle de la Mention *Biodiversité Ecologie et Evolution* de l'Université de Poitiers.
 - Membre de jury pour les soutenances des stages Master 2 depuis 2008
 - Président de jury pour le Baccalauréat 2014.
- Formations Suivies :**
- **Participant** à la formation « *Modélisation des réseaux écologiques : utilisation avancée du logiciel Graphab* » (2017).
 - **Participant** à la formation « *UP-Planning* » (2018).
 - **Participant** à la formation « *Encadrement des doctorants* » (2020).
 - **Participant** à l'école d'été « *La télédétection pour l'étude des écosystèmes terrestres* » (2021).

- **Responsable de la Formation 'CNRS – Entreprises' : AXE 4 - Territoire, patrimoine et environnement :**

[Initiation aux SIG en écologie : de la collecte au traitement de données géographiques.](#)



- > 4 sessions dispensées depuis 2019 et 2 à venir en 2023 et 2024
- > cf détails partie 2 « [Activités d'enseignements](#) ».

I. Enseignements

- Depuis 2010, j'ai enseigné 2718 heures (équivalent TD) essentiellement à l'Université de Poitiers. Ces heures comprennent aussi 4h de cours dispensés annuellement à l'Université de Tours.

Année universitaire	Nombre d'heure d'enseignement effectuées (équivalent TD)
<=2010	150
2011/2012	234.4 (ATER)
2012/2013	218 (recrutement)
2013/2014	84 (decharge jeune maître de conf)
2014/2015	230
2015/2016	241
2016/2017	265
2017/2018	201
2018/2019	217.5
2019/2020	225
2020/2021	215
2021/2022	210.4
2022/2023	227.25

- Intervenant dans le dispositif 'Action plus' (journée portes ouvertes, journées des 1^{ères} de lycées...).



- En charge du projet [Uni-Biodiversité](#) (e.g. suivi de l'avifaune sur le campus de Poitiers) [[Article-Vulgarisation](#)].

> Projet développé avec les étudiant.e.s dans le but de décrire et de cartographier le cortège d'espèces d'oiseaux présent sur le campus de l'Université de Poitiers. Ce projet qui a vu le jour en 2014 a conduit depuis à la mise en place d'actions visant à déterminer la valeur écologique du campus et à favoriser la préservation de la biodiversité :

- installation de nichoirs,
- fauches tardives,
- plantations d'arbres et de haies.

m. Divers

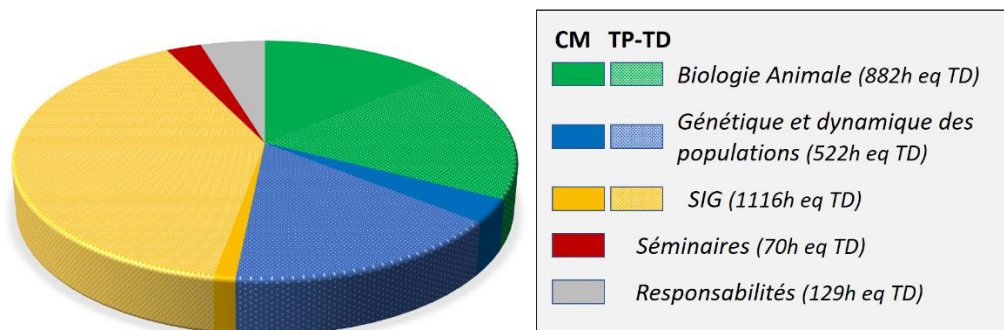
- **Langues** : Français (maternel), Anglais et Espagnol.
- **Permis B** véhiculé
- **Secouriste (PSC1)** obtenu en 2011
- **Sports et loisirs** : plongée (N1 CMAS), handball, snowboard, ornithologie, bandes dessinées.



2. Activités d'enseignements

a. Résumé des activités d'enseignements

Recruté sur des activités d'enseignements liées à la Biologie et l'Ecologie des organismes et des populations, j'ai eu la chance de pouvoir m'impliquer dans des matières proches de mes activités de recherche telles que la *génétique des populations*, *l'écologie* et le *SIG*. Depuis mon recrutement en 2012, j'effectue en moyenne 210 h par an d'enseignements en CM, TD ou TP dispensés en Licence comme en Master. En tant que Maître de conférences, mon investissement en enseignement s'est traduit par (i) la prise de responsabilités de différentes Unités d'enseignements existantes (n= 4) dont certaines à fort effectif (> 100 étudiant.e.s), (ii) le montage d'Unités d'Enseignements nouvelles (n= 3), (iii) la participation à l'évolution des maquettes d'enseignements et (iv) la prise de responsabilité du parcours Génie Ecologique au sein de la mention [Master Biologie, Ecologie et Evolution](#) qui regroupe 4 parcours différents : [Ecologie Evolutive](#), [Génie Ecologique](#), [Paléontologie](#) et [Plantes et Sociétés](#). Dans mes enseignements, j'essaie d'appliquer des nouvelles approches pédagogiques telles que des approches par projets ou encore des '*serious game*' afin d'impliquer les étudiant.e.s au maximum.



b. Responsabilités

Responsabilité de parcours

Depuis 2020, en tant que responsable de deuxième année de Master du parcours [Génie Ecologique](#) (incluant 22 étudiant.e.s/an), j'ai pu contribuer à l'évolution du contenu de la maquette en gardant pour objectif principal la professionnalisation des étudiant.es. Pour cela et comme mon prédécesseur, j'ai favorisé l'intervention de nombreuses structures professionnelles (e.g. associations environnementales, bureaux d'études, collectivités...) qui proposent une mise en pratique et une illustration *in natura* des notions et problématiques du génie écologique. De nombreuses sorties terrain sont ainsi proposées sur différents thèmes et dans des milieux variés (e.g. landes, tourbières, bocage, dunes, forêt, prairies...). Les ambitions de ce master sont de fournir aux étudiant.e.s les clés pour

- Coordonner ou assurer des audits et études d'impact dans le domaine du développement durable.

- Gérer des espaces (milieux, territoires) naturels, ruraux ou urbains.
- Apporter une assistance à la mise en place de politiques environnementales.
- Mettre en œuvre un plan d'échantillonnage.
- Proposer des méthodes d'évaluations et de diagnostics écologiques.

Le 2nd semestre est principalement dédié à un stage de 5 mois minimum (de février à août). J'organise les soutenances en septembre en faisant en sorte que chaque rapport soit lu par un enseignant-chercheur et un.e intervenant.e extérieur.e.

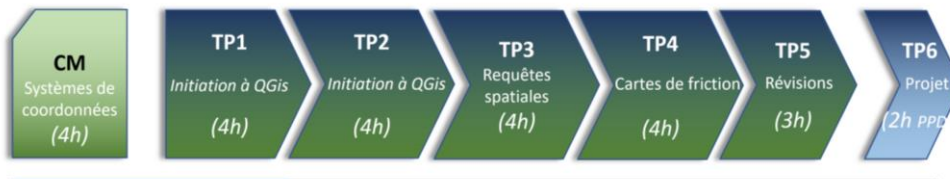
Dans cette responsabilité, j'assure aussi les fonctions logistiques telles que la maintenance du site internet dédié au parcours Génie Ecologique ou encore l'élaboration des emplois du temps (incluant les interventions des intervenant.e.s extérieur.e.s et les examens) mais aussi l'organisation de 3 séjours de 3 jours en immersion sur le terrain. Ces trois séjours organisés (i) sur la côte Atlantique pour découvrir l'écologie du littoral, (ii) dans le Parc Naturel Régional des milles vaches pour découvrir l'écologie forestière et (iii) dans la ville de Cerizay (79) pour découvrir l'écologie urbaine, permettent aux étudiant.e.s une véritable immersion directement sur le terrain. Véritables écoles de terrain, ces séjours combinés aux nombreuses interventions de nombreuses structures professionnelles (e.g. Associations naturalistes, bureau d'études, collectivités, Conservatoires...) représentent pour les étudiant.e.s un véritable soutien pour l'insertion professionnelle. En effet, nombreuses structures recrutent parmi nos étudiant.e.s des stagiaires et des contratuel.le.s.

Responsabilité d'Unités d'Enseignements

Système d'Information géographique M1 et M2 :

Fortement impliqué dans les enseignements liés aux Sciences de l'information Géographique (*i.e.* télédétection et SIG) au sein de la Mention *BEE*, je suis responsable des deux Unités d'Enseignements (UE) : « [Système d'information géographique \(SIG\) et données de terrain](#) » en M1 (**comprenant les 4 parcours de la mention BEE – ~70 étudiante.s/an**) et « [SIG et Statistiques](#) » en M2 (**comprenant 3 des 4 parcours de la mention BEE**). Mes interventions dans ces UE représentent plus de 45% de mon service annuel (~ 90h eq TD / an). Ayant moi-même monté l'intégralité du contenu **SIG** de ces UE, j'ai essentiellement orienté l'enseignement de cette discipline autour de la pratique. En effet, après 4h (M1) et 2h (M2) de cours théoriques (CM) (Box 1 ci-dessous), le reste des interventions se décline en différents TP de 2 à 4h (Figure 1). Chaque TP est construit autour d'un tutoriel détaillé qui permet une approche dite par compétences. En effet, réalisés sous le logiciel *QGIS* en libre accès, les TP commencent par une simple prise en main de l'interface du logiciel et montent graduellement en niveau jusqu'à atteindre les requêtes et les premières analyses spatiales en M1 ainsi que les estimations de connectivité écologique et les corrélations spatiales en M2.

Plan de l'UE SIG M1



Plan de l'UE SIG M2



Figure 1 Plan et organisation de l'UE « SIG » en M1 (au-dessus) et de la partie SIG de l'UE « Statistiques et SIG » en M2 (en-dessous).

Les SIG étant un outil souvent situé à l'interface entre le terrain et l'analyse de données, un TP en M1 (4h) et 1 TP en M2 (4h) sont consacrés à la **collecte de données spatialisées directement sur le terrain** (type géocaching). Ceci est réalisé avec l'utilisation de tablette numérique et l'application Android *QField*. De retour en salle, il s'agit de rapatrier, traiter et représenter les données enregistrées sur le terrain. En M2, ce TP contribue à un diagnostic écologique en effectuant, directement sur le terrain, un relevé de la végétation arborée présente sur le site d'étude. Pendant 2 années consécutives, les étudiant.e.s ont enregistré la répartition et les principales caractéristiques (*e.g.* essence, diamètre de tronc et du houppier...) des arbres se situant sur le [jardin botanique universitaire du Deffend](#). Les résultats sont diffusés et illustrent le site du département d'enseignement de *Biologie des Organismes et des Populations* [\[ici\]](#). A partir de la rentrée 2023-2024, les étudiant.e.s travailleront en collaboration avec les gestionnaires d'Espaces Naturels Sensibles alentours. Ces TP, articulés autour d'une pédagogie par projet, contribuent donc à augmenter la connaissance des zones d'études et de leur biodiversité. Au-delà de l'approche par compétence qui propose l'acquisition graduelle des compétences au sein et entre les deux UE des deux années de Master, l'évaluation des étudiant.e.s, quant à elle propose une évaluation par projet. En effet, les étudiant.e.s de M1 doivent rendre une 'carte' réunissant un certain nombre de critères qui répondent à un barème.

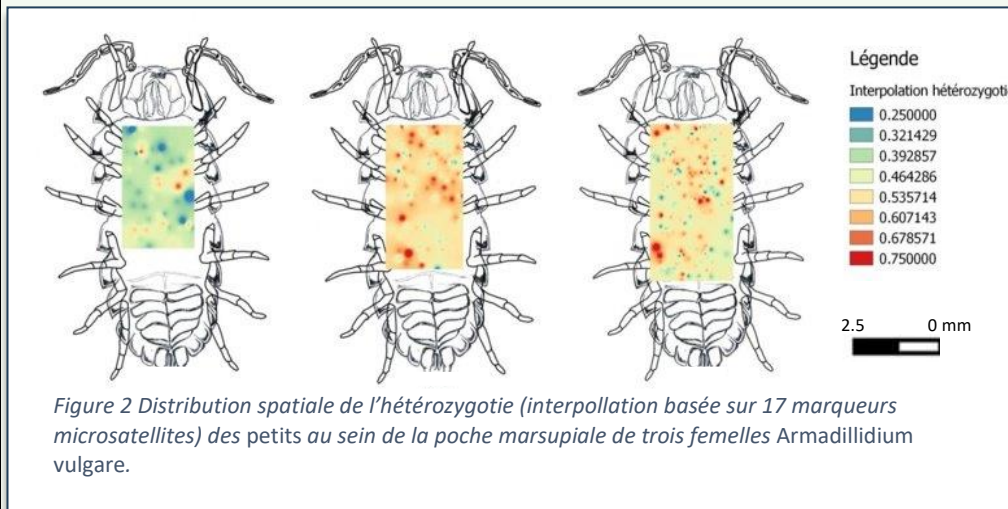
Box 1 : Le SIG à toutes les échelles...

Lors des cours théoriques des modules de SIG, je présente aux étudiant.e.s la possibilité d'appliquer le SIG à différentes échelles spatiales. Pour cela, j'utilise en exemple une de mes publications réalisées sur la distribution spatiale des œufs en cours de développement au sein de la poche marsupiale du cloporte *Armadillidium vulgare* (Bech et al. 2017).

> Cette approche représente donc un pont entre enseignement et recherche.

Cet article part du principe que le SIG est souvent abordé à une échelle spatiale macroscopique alors que les paysages peuvent parfois être microscopiques.

Dans le cadre de cette étude nous avons étudié le paysage microscopique de la poche marsupiale de l'isopode terrestre *A. vulgare*. Cette poche accueille les œufs fécondés qui vont ensuite se développer en *mancae* (stade larvaire). Cependant avant fécondation, les femelles sont capables de stocker le sperme de plusieurs males dans leur réceptacle séminal et ainsi produire une descendance issue de plusieurs pères. La distribution spatiale et les caractéristiques des œufs (*e.g.* identité du père ayant fécondé l'œuf, hétérozygotie de l'œuf (Figure 2)) au sein de la poche marsupiale pourraient ainsi traduire les choix cryptiques de la femelle (*i.e.* compétition spermatique au sein du réceptacle séminal).



Publication associée :

N. BECH, C. DEPEUX*, S. DURAND, C. DEBENEST, A. LAFFITE, S. BELTRAN-BECH (2017) When GIS zooms in : Spatio-genetic maps of multipaternity in *Armadillidium vulgare*. *Genetica* 145(6) :491-502; doi : [10.1007/s10709-017-9992-8](https://doi.org/10.1007/s10709-017-9992-8). IF=1.3. [[Lien vers la cartographie de l'article](#)].

Biologie de la conservation M1 (~40 étudiant.e.s/an)

Après avoir créé et monté cette UE, j'ai gardé la responsabilité pendant 4 ans (2018-2022). De façon classique, le contenu de cette UE propose les bases et les fondamentaux théoriques pour décrire et définir le processus de biodiversité ainsi que la présentation des principales menaces pesant sur celle-ci. Cependant, lors de la création de cette UE, j'ai voulu impulser une dynamique plus originale en abordant également les différentes ontologies de la Biodiversité à l'internationale (Descola 2001), l'utilisation des chiffres et les dérives associées en biologie de la conservation et l'apport des Sciences Participatives dans la préservation de la Biodiversité.

Stages M1 (~50 étudiant.e.s /an)

J'ai pris la responsabilité des stages de M1 de 2014 à 2020 et de M2 parcours Génie Ecologique depuis ma prise de responsabilité du parcours (2020). Cette responsabilité consiste à aider les étudiant.e.s à trouver leur stage en adéquation avec leur formation et à connecter des tuteur/trices pédagogiques adéquat.e.s. Ainsi, mon rôle consiste à vérifier et valider les conventions de stages mais aussi à organiser les évaluations de stages incluant la répartition des rapporteurs/trices et l'organisation des soutenances.

* Stagiaires et thésards publiant

Ecologie (~100 étudiant.e.s /an)

Responsable de l'UE Ecologie en Licence 3 depuis 2013, j'ai contribué à faire évoluer le contenu en y intégrant notamment des TP 'terrain' qui s'inscrivent dans une démarche de recensement de l'avifaune et de la pédofaune sur le campus universitaire. Ainsi, ces TP contribuent à proposer aux étudiant.e.s une première approche de terrain incluant des notions de plans d'échantillonnage, l'utilisation de matériels d'observation, notamment de jumelles (pas souvent utilisées en enseignement du moins par apport à d'autres instruments d'observation tels que le microscope) et l'utilisation de clés de détermination et de guides naturalistes. De plus, depuis peu, j'ai intégré dans cette UE un TP (4h) de SIG afin de fournir aux étudiant.e.s une initiation (sous forme de tutoriel) sur laquelle ils/elles peuvent éventuellement rebondir durant leur stage de Licence 3.

➤ En effet, le SIG est de plus en plus demandé dans le cadre des stages.

CNRS Formation Entreprises

“ Parce que pour moi l'enseignement et la formation ne doivent pas s'en tenir qu'aux étudiant.e.s. ”

**CNRS FORMATION
ENTREPRISES**

- **Responsable de la Formation 'CNRS – Entreprises' : AXE 4 - Territoire, patrimoine et environnement :**

[Initiation aux SIG en écologie : de la collecte au traitement de données géographiques.](#)

> Cette formation vise toute personne impliquée dans l'écologie ou l'aménagement du territoire (chercheur, ingénieur ou technicien) des secteurs publics (universités, collectivités, réserves et parcs naturels...) et privés (gestionnaires des réseaux de communications électriques, téléphoniques, internet mais aussi de transports). Cette formation a pour ambition de transmettre les notions de base en SIG et l'apport des SIG en écologie. Plus précisément, cette formation a pour objectifs de former les personnes au traitement, à l'analyse et à la diffusion des données spatialisées.

- Session 1 : du 3 au 5 juillet 2019.
- Session 2 : du 17 au 19 mai 2021.
- Session 3 : du 10 au 12 mai 2022.
- Session 4 (exceptionnelle auprès du SAMU Social de Paris) : du 13 au 14 décembre 2022

> auprès du Samu Social de Paris, nous avons formé les agents aux analyses spatiales afin de coordonner, sur Paris, les mesures sanitaires avec la répartition des personnes en situation de précarité.

- Session 5 à venir : décembre 2023 (*exceptionnelle auprès du SAMU Social de Paris*).
- Session 6 à venir : du 23 au 25 mai 2023.

c. Autres

Autres responsabilités

Parmi mes autres responsabilités, je m'investis aussi en tant que Membre et président de jury pour les soutenances de stages des étudiant.e.s de Master 1 et Master 2 respectivement. Par ailleurs, chaque année depuis mon recrutement, je contribue aux *journées portes ouvertes* de l'Université afin de présenter et faire valoir l'offre de formation que nous proposons au sein du département de [Biologie des Organismes et des Populations](#) de l'Université de Poitiers.

UE à forte implication

Evolution (L3 ~100 étudiant.e.s), dans le cadre de cette UE, j'ai développé un atelier avec les étudiant.e.s mettant en évidence les mécanismes micro et macro évolutifs. Sous forme de *serious game*, j'invite les étudiant.e.s à reproduire 'à l'aveugle' 5 dessins d'animaux observés pendant 1 minute. Ceci est répété 5 fois afin de simuler 5 générations de dessins. L'exercice mettant en jeu des formes et des couleurs différentes, il y a souvent des différences entre les générations et ces différences peuvent alors être interprétées par le prisme de l'évolution (*l'œil du dessinateur représente alors la sélection naturelle*). Nous mettons alors en évidence les mécanismes micro et macro évolutifs tels que la mutation (et back mutation), la convergence évolutive, la compétition, la migration ou encore l'hybridation (Figure 3).

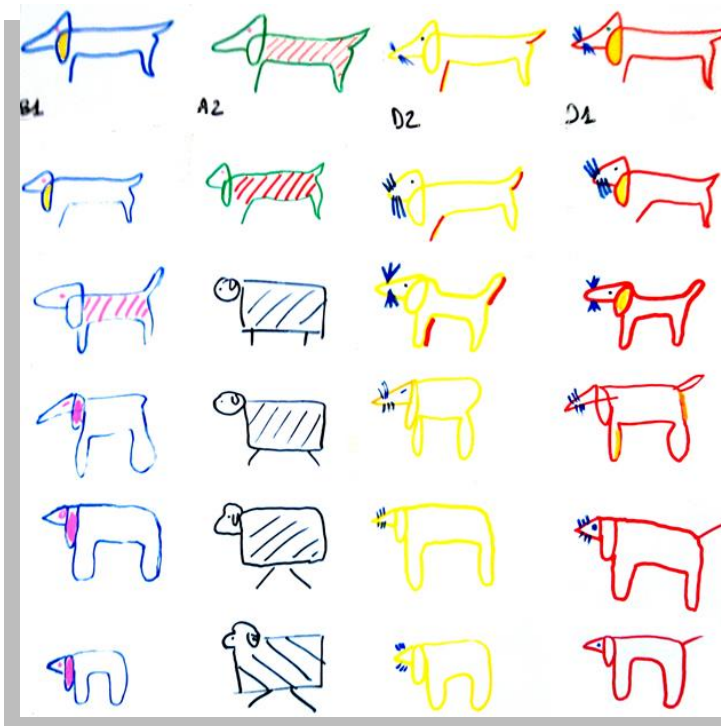


Figure 3 Dessins réalisés par les étudiant.e.s en TP 'Evolution'. Chaque ligne représente une génération. La ligne du haut représente le modèle de base.

Articulation entre projets étudiants et Chaire Biodiversité



En Licence 3, les étudiant.e.s développent des projets en autonomie sur des sujets, pour la plupart, en écologie. Ces projets représentent pour eux/elles une véritable occasion de s'immerger et de réaliser des projets concrets.

Depuis 2013, j'encadre chaque année un groupe d'étudiant.e.s qui recense l'avifaune sur le campus de Poitiers (= zone semi naturelle de 37ha). Ce travail permet aux étudiant.e.s de se familiariser avec les techniques d'inventaires, de développer des connaissances ornithologiques tout en contribuant à l'amélioration des connaissances, notamment en termes de biodiversité au sein du campus. Ce projet nommé *Uni-Biodiversité* a permis de contacter (vue + ouïe) plus de 10 000 oiseaux et de dénombrer plus d'une soixantaine d'espèces différentes dont certaines classées en liste rouge en France (e.g. Linotte mélodieuse –*Linaria cannabina*). Avec plus d'une cinquantaine d'étudiant.e.s investi.e.s dans le projet depuis son commencement, cette étude s'inscrit en 'science participative' d'autant plus que toutes les données sont recensées et envoyées à la [LPO](#) via l'application 'Naturalist'. Devenu un réel outil de plan de gestion sur le campus, cet inventaire avifaune a permis



- De mettre en place des zones de fauches tardives.
- D'installer une vingtaine de nichoirs dont certains équipés de webcam diffusant en streaming l'activité intérieure du nichoir. > Une chaîne Youtube a été créée pour diffuser les vidéos [\[ici\]](#).
- De mettre en place une cartographie dynamique en ligne recensant toutes les données collectées [\[ici\]](#).

Mais aussi :

- De participer à des colloques/conférences.
- De rédiger des articles de vulgarisation [\[ici\]](#) et d'encadrer des stagiaires de L3 ou M1 (hors projets en autonomie).
- D'alimenter le contenu de TP en L3 (*UE Ecologie*) mais aussi au niveau Master dans les UE SIG.
- **Les informations et la vidéo relatives à ce projet 'Uni-Biodiversité' se trouve [\[ici\]](#).**

Par ailleurs, la *Chaire biodiversité* de l'Université de Poitiers [\[lien\]](#) que j'anime avec un comité de pilotage constitué de 11 personnes a permis de financer 5 autres projets étudiants équivalents à celui-ci. En effet, la Chaire Biodiversité a pour ambition de favoriser les projets étudiants en lien avec la Biodiversité. Ainsi, à titre d'exemples, les projets en question portaient sur :

- l'animation de chantier de plantation de haies,
- l'étude de la densité de *Pic mar* (*Dendrocytes medius*) et *Pic épeiche* (*Dendrocopos major*) en forêt de Moulière (86),
- l'étude de la population nicheuse de *Busards gris* sur la réserve naturelle nationale du Pinail,
- la réhabilitation écologique d'une marre située sur le campus de l'université de Poitiers.
-



3. Activités de Recherche : la génétique au service des populations menacées

a. Introduction

En 2010, la *Conférence mondiale sur la biodiversité* de Nagoya énonce les objectifs d'Aichi qui s'inscrivent directement dans la *Convention sur la Diversité Biologique* adoptée lors du sommet de la Terre à Rio de Janeiro en 1992. Ces objectifs avaient globalement pour ambition, entre 2011 et 2020, d'enrayer le déclin de la biodiversité, d'impulser une utilisation durable de la biodiversité et de préserver les habitats. Alors qu'aujourd'hui certains objectifs sont partiellement atteints (e.g. l'augmentation des surfaces des aires protégées terrestres et marines), la plupart des objectifs ne sont qu'en cours de réalisation et près d'un tiers ont été restreints, inexistantes voire négatifs (Barron et al. 2022). A titre d'exemple, le déclin de la Biodiversité n'a cessé d'augmenter au cours des 40 dernières années dans les groupes taxonomiques les plus étudiés. L'IUCN considère aujourd'hui qu'environ 25 % d'espèces sont menacées d'extinction dans de nombreux groupes de vertébrés et d'invertébrés mais aussi chez les végétaux terrestres, d'eau douce et marins (Barron et al. 2022). Même si des actions de conservation concrètes et efficaces ont permis de préserver des espèces notamment d'oiseaux et d'ongulés (Barron et al. 2022), force est de constater que les efforts engagés n'ont pas suffi à atteindre les objectifs d'Aichi de 2010. Pourtant, depuis 1950, les études scientifiques inscrites en biologie de la conservation se sont multipliées et ce, particulièrement depuis 2010 (Figure 4).

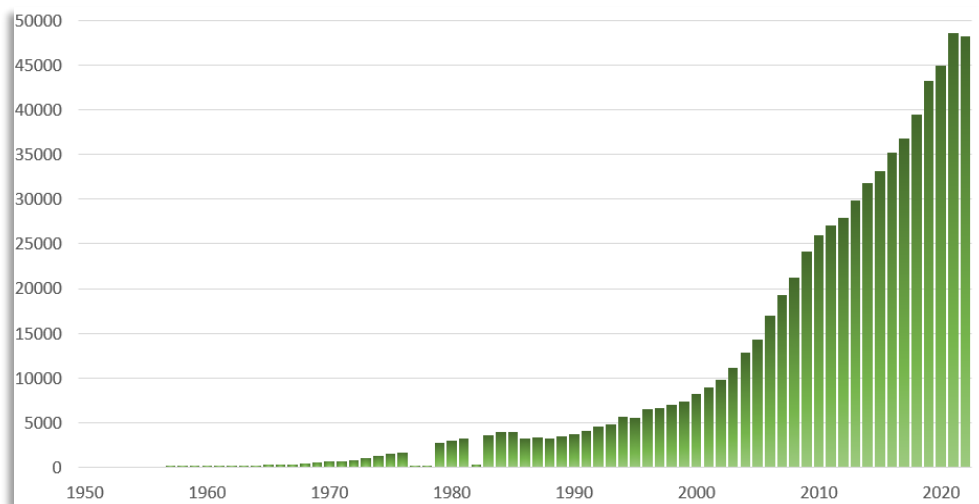


Figure 4 Evolution du nombre de publications sur le thème de la conservation depuis 1950. Cette analyse a été réalisée à partir de la base de données SCOPUS (<http://www.scopus.com>).

Un tel constat vient corroborer l'étude de Sunderland et al. (2009) suggérant que seule une faible proportion des résultats scientifiques se concrétise sur le terrain sous forme d'actions de gestion ou de conservation (Sunderland et al. 2009). Ceci soulève légitimement la question de savoir pourquoi les études scientifiques sont finalement si peu prises en compte par les acteurs de terrain en termes de gestion et de préservation de la biodiversité. La bibliographie renseigne plusieurs hypothèses à ce

sujet soulignant, en tout premier lieu, des aspects logistiques tels qu'un manque de soutien financier, social et politique dans les programmes de conservation souvent jugés onéreux (Roux et al. 2006). En effet, à titre d'exemple, l'accès à la littérature pour les acteurs de terrain peut être limité en raison de contraintes financières (Pullin and Knight 2003), ou par manque de temps consacré à la lecture d'articles souvent publiés dans une langue étrangère (Arlettaz et al. 2010). Dans un second temps, les acteurs de terrain soulignent le fait que les résultats de recherche ne fournissent pas toujours d'informations pertinentes et appropriées en termes de mesures de conservation (Arlettaz et al. 2010). Selon eux, certaines études publiées (i) sont menées à des échelles spatiales trop grandes ou trop petites pour que les résultats se traduisent par des actions de conservation (Fazey et al. 2005) ou (ii) se concentrent sur des problématiques "faciles" à traiter aboutissant à des recommandations considérées comme triviales par les acteurs de terrain (McNie 2007). En lien, selon Fazey et al. (2005), la bibliographie propose parfois des études publiées de manière opportuniste en conservation, même lorsqu'elles ne peuvent pas contribuer à des actions concrètes sur le terrain. Toutefois, tous les articles, publiés dans le domaine de la conservation, ne préconisent pas forcément d'actions sur le terrain mais contribuent tout de même à augmenter les connaissances sur les menaces pesant sur la biodiversité, la répartition et la biologie des espèces. D'ailleurs, sur 547 articles publiés en 2001 dans les revues *Biodiversity & Conservation*, *Biological Conservation* et *Conservation Biology*, seuls 14,1 % des articles ont explicitement proposé, développé ou testé des plans de conservation (Fazey et al. 2005). Cependant, à ceci se rajoute un décalage de temps entre le début de l'étude et la publication des résultats. En effet, le temps d'échantillonnage couplé à l'analyse et à la rédaction de l'article se cumule au temps requis par le processus de publication. Ainsi, dans les revues de conservation, il y a en moyenne $3,9 \pm 0,13$ ans entre la dernière année d'échantillonnage et la publication des résultats (Fazey et al. 2005). Or la mise à disposition rapide des résultats est d'autant plus importante pour une science de l'urgence telle que la biologie de la conservation (Fazey et al. 2005). Ainsi, l'inertie temporelle liée notamment au processus de publication contribue à creuser l'écart entre les études menées en laboratoire et la réalité du terrain. Par ailleurs, la progression et l'évaluation des carrières des chercheurs étant souvent évaluées sur leur bibliographie limite l'engagement de certains dans les actions de terrain et notamment dans la mise en œuvre des actions de conservation qui devraient être considérées comme une partie intégrante de l'activité scientifique car elle représente l'application et la finalité de l'étude (Arlettaz et al. 2010).

En 1985, Dr Michael Soulé présentait la Biologie de la Conservation comme une science holistique où il était important de prendre en considération tous les éléments de l'écosystème pour conserver son ensemble. En lien avec cette pensée, mes travaux de recherche s'inscrivent globalement dans une approche multipartenaire (e.g. académiques, associatifs, collectivités...) et multidisciplinaire (e.g. écologie, géographie, génétique...) permettant de croiser les différents regards et ainsi obtenir des résultats robustes ayant pour ambition d'engager des actions de conservation sur le terrain. Dans le cadre de mes travaux, l'application de certains résultats de

recherche sur le terrain a été facilitée par une étroite collaboration avec des acteurs de terrain et des personnes impliquées en politique de l'environnement.

En effet, comme les études interdisciplinaires intègrent souvent différents types de connaissances, elles sont aussi souvent plus intégratives que les études biologiques monodisciplinaires (Fazey et al. 2005). Plus précisément, mes travaux de recherche utilisent des outils issus de la génétique des populations, des sciences de l'information géographique (SciG) et depuis plus récemment, de géographie afin d'étudier comment les caractéristiques des paysages influencent

- les processi microévolutifs se produisant à l'intérieur des populations notamment menacées.
- les processi écologiques, tels que la dispersion ou la transmission des maladies.

Résumé de mes recherches

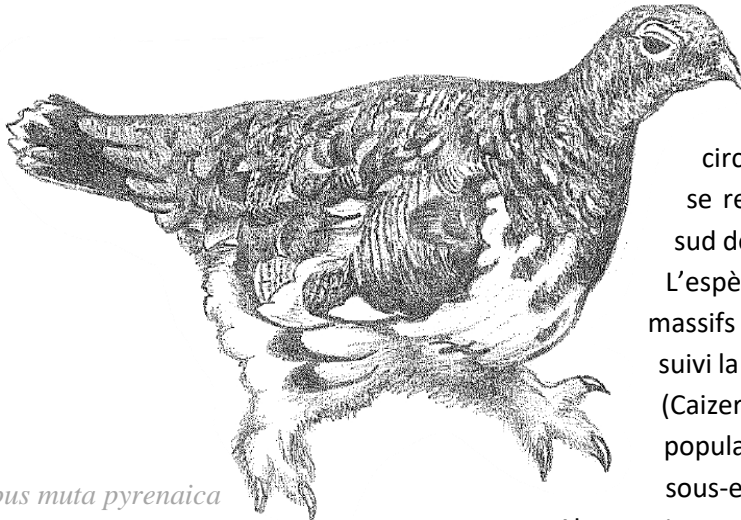
A l'heure où les écosystèmes connaissent une évolution sensible sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, les paysages se fragmentent et les populations se retrouvent déconnectées les unes des autres. Parmi les plans de gestion invoqués pour conserver les populations, certains proposent de reconnecter les individus soit par des corridors écologiques soit en les déplaçant. Cependant, en évolution et en biologie de la conservation, la complexité des processi macro et micro évolutifs ne garantit pas toujours le succès de ces plans de gestion. A titre d'exemple, il est difficile de savoir si un repeuplement chez le lagopède alpin, ayant trouvé refuge dans les Pyrénées il y a 10 000 ans, pourrait favoriser une population en situation d'isolat biogéographique alors qu'au même endroit un repeuplement similaire semble néfaste pour les populations de perdrix grises ou encore dans le Var pour les tortues d'Hermann. Ces repeuplements, souvent utilisés pour augmenter la taille des populations et la diversité génétique, proposent de mélanger des individus venus d'ailleurs à des populations devenues fragiles. Cependant, en fonction du temps de séparation entre les individus repeuplés et repeuplant, ces rencontres fortuites peuvent aussi « casser » des adaptations locales chez les populations repeuplées. Ainsi, ces phénomènes de rencontre forcée relèvent des questions de compatibilité génétique à la base de la conservation de la biodiversité et plus généralement de la gestion des populations.

Dans la suite de cette partie, je présenterai d'abord les résumés des principales études que j'ai eu l'occasion de mener et je discuterai ensuite l'ensemble des résultats obtenus et des conclusions associées sous le prisme de deux filtres dits de « rencontre » et de « compatibilité ». Ces deux filtres, théorisés et proposés initialement dans le cadre des interactions hôtes-parasites, seront donc réinvestis dans le cadre de cette HDR à la lueur de mes travaux. Je propose donc d'utiliser ces filtres théoriques afin de décrire l'importance de chacun d'eux dans la gestion de différents modèles d'intérêts communautaires comme sanitaires.



b. Structuration génétique des populations de lagopèdes alpins dans les Pyrénées

Contexte de l'étude.



Lagopus muta pyrenaica

Le Lagopède Alpin, *Lagopus muta* occupe une vaste aire de répartition circumpolaire (Alaska, Groenland, Sibérie) mais se rencontre aussi sur certaines montagnes du sud de l'Europe comme les Alpes ou les Pyrénées. L'espèce s'est réfugiée sur les zones alpines de ces massifs méridionaux lors du réchauffement qui a suivi la dernière glaciation, il y a environ 10 000 ans (Caizergues et al. 2003). L'isolement ancien de ces populations a conduit à la différenciation de 2 sous-espèces *Lagopus muta helvetica* dans les

Alpes et *Lagopus muta pyrenaica* dans les Pyrénées. Basés

sur un panel de 10 marqueurs moléculaires microsatellites, nos travaux ont corroboré la distinction entre ces deux sous-espèces (F_{st} global = 0.20) (Figure 5).

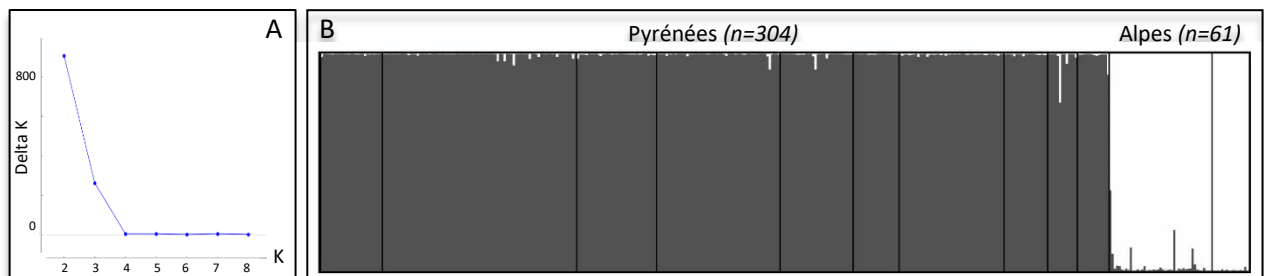


Figure 5 **A/** Résultats de *STRUCTURE HARVESTER* version 0.6.1 (Earl and vonHoldt 2012) : Valeurs de ΔK (Evanno et al. 2005) en fonction de K (i.e. nombre de groupes génétiques testés, $n=8$). La probabilité moyenne la plus élevée et les valeurs delta K obtenues indiquent que la structure génétique des populations de lagopèdes alpins est caractérisée par $K=2$ groupes génétiques. **B/** Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les $K=2$ groupes génétiques déduits de l'analyse de *STRUCTURE* (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel *STRUCTURE* v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 répliques indépendantes pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cependant, nous avons écarté les 100 000 premières itérations correspondant à la phase exploratoire de l'analyse. Les individus pyrénéens ont été majoritairement assignés au cluster génétique 1-gris foncé (moyenne \pm SD : 0.990 ± 0.008), alors que les individus des Alpes ont été principalement assignés au cluster génétique 2 blanc (moyenne \pm SD : 0.984 ± 0.015). Cet histogramme a été produit en utilisant le programme *DISTRUCT* (Rosenberg 2004).

Ces résultats viennent ainsi corroborer et affiner ceux de Caizergues *et al.* (2003) qui révélaient, pour la première fois, une importante divergence génétique entre les deux sous-espèces. Selon les auteurs, cette différenciation génétique se serait mise en place suite au dernier maximum glaciaire : lors de la colonisation des Pyrénées représentant alors un refuge post glaciaire pour les espèces, telles que le lagopède alpin, adaptées

aux températures froides (*i.e.* reliques de l'ère glaciaire). Concernant la diversité génétique, Caizergues *et al.* (2003) ont également montré que les populations de lagopèdes alpins des Pyrénées présentaient une diversité génétique plus faible que leurs homologues des Alpes ou de Scandinavie. Cette perte de diversité génétique serait à la fois d'origine ancienne (*i.e.* liée à un faible nombre d'individus fondateurs lors du réchauffement post-glaciaire (Caizergues *et al.* 2003)) mais aussi d'origine relativement plus récente. En effet, nos travaux ont montré qu'au cours des XIX^{ème} et XX^{ème} siècles, les Pyrénées ont connu les effets combinés d'une déprise agro-pastorale et du réchauffement des températures (Figure 6). Ces deux facteurs combinés auraient eu pour conséquence une fermeture des milieux d'altitude et donc une contraction de l'habitat du lagopède alpin (Bech *et al.* 2013).

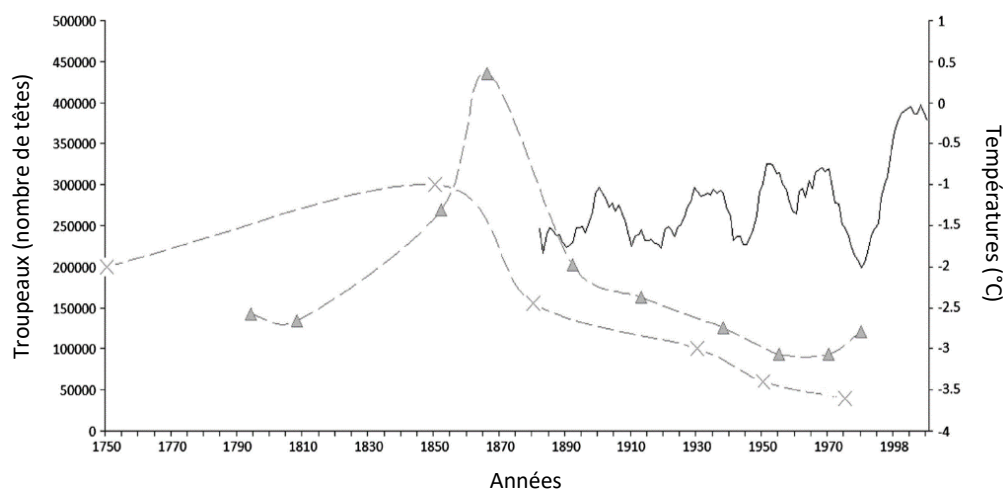


Figure 6 : Evolution historique des troupeaux en pâture (ligne en pointillée) et des températures (ligne pleine) dans les Pyrénées. La ligne pleine des températures représente la moyenne mobile (avec une période de 10 ans) des températures rapatriées de Météo France et obtenues à partir de la station météorologique du Pic du Midi (42.93704, 0.141135). Les lignes en pointillées avec les triangles et les croix représentent respectivement l'évolution des troupeaux de moutons dans les Pyrénées centrales (A.D.P.H. 1982) et à l'Est des Pyrénées (Becat 1977; Chevalier 1980).

Ces effets négatifs conjugués se seraient traduits par une fragmentation des habitats d'altitude et par voie de conséquence par une réduction des effectifs des populations pyrénéennes de lagopèdes alpins (*i.e.* goulot d'étranglement) qui auraient d'autant plus accentué la divergence génétique entre les lagopèdes alpins des Pyrénées et des Alpes (Bech *et al.* 2013). Sur la partie orientale des Pyrénées, ce phénomène de fragmentation du paysage se retrouve encore aujourd'hui avec la présence d'une barrière à la dispersion pour les lagopèdes alpins : la Vallée du Sègre (Bech *et al.* 2009, 2013). En effet, à la fois trop large (~20km) et trop basse en altitude (1100m), cette barrière géomorphologique isole une population de lagopèdes alpins située sur la partie orientale de l'aire de distribution et plus précisément sur le chaînon frontalier situé entre la France et l'Espagne et reliant le massif du Puigmal à celui du Canigou (chaînon nommé « Canigou-Puigmal ») (Figure 7). Alors que les valeurs de diversité génétique ne semblent pas souligner d'appauvrissement génétique important dans les populations situées sur la haute chaîne des Pyrénées, à l'Ouest de la vallée du Sègre, les populations situées à l'Est de la vallée (*i.e.* Canigou-Puigmal) quant-à elles, se retrouvent en situation d'isolat biogéographique et révèlent des indices de diversité génétique faibles (Figure 8) (Bech *et al.* 2009). Jusque dans les années 70, l'espèce était

encore signalée comme nicheuse sur la Tossa d'Alp (Martinez-Vidal, com. pers.) et la distribution de l'espèce, au moins en période hivernale, s'étendait même jusqu'à l'ouest de la Serra del Cadi (Alamany and De Juan Monzon 1983) (Figure 7). Malgré quelques indices de présence encore récents, ces secteurs qui représentaient probablement le lien entre haute chaîne et chaînon oriental ne sont plus fonctionnels aujourd'hui, en raison probablement de la contraction générale de l'aire de répartition de l'espèce, mais aussi du développement des domaines skiables réalisés au cours de ces 30 dernières années sur les massifs de la Tossa d'Alp et du Puigmal (Figure 7). Ainsi, les populations de lagopède alpin situées sur le chaînon Canigou-Puigmal se trouvent aujourd'hui isolées de celles occupant le reste de la haute-chaîne des Pyrénées. Cet isolement géographique représente un handicap, et à terme une menace, pour le maintien de l'espèce sur l'extrémité orientale de la chaîne des Pyrénées. Alors qu'une plus faible diversité génétique a été enregistrée sur ce chaînon oriental par rapport au restant de la haute chaîne, cette situation pourrait, à moyen terme, limiter le potentiel d'adaptation de ces populations et leur capacité à faire face aux changements environnementaux (Figure 8).

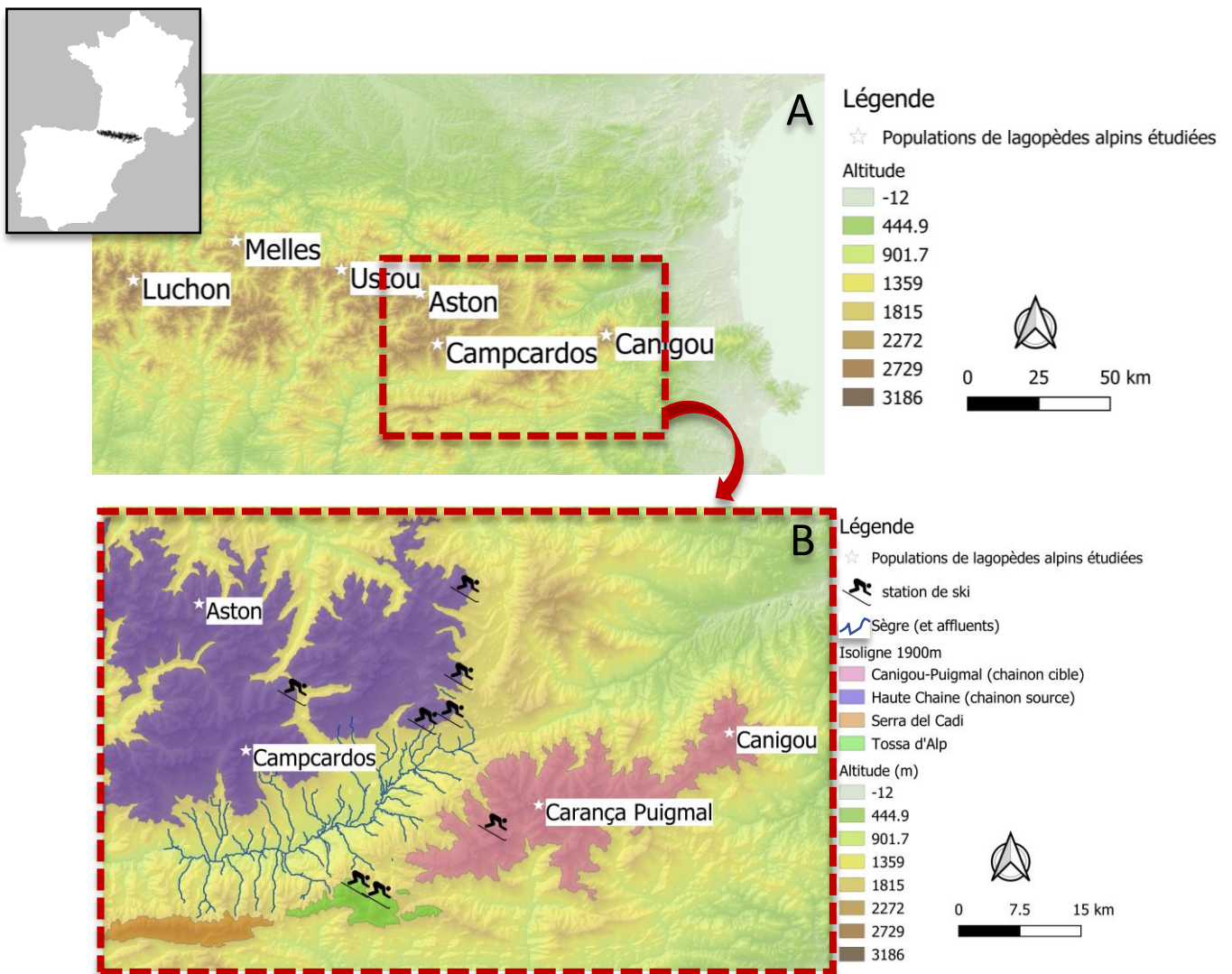


Figure 7 : A : Populations de lagopèdes alpines étudiées dans les Pyrénées françaises. B : Situation géographique de la partie orientale des Pyrénées.

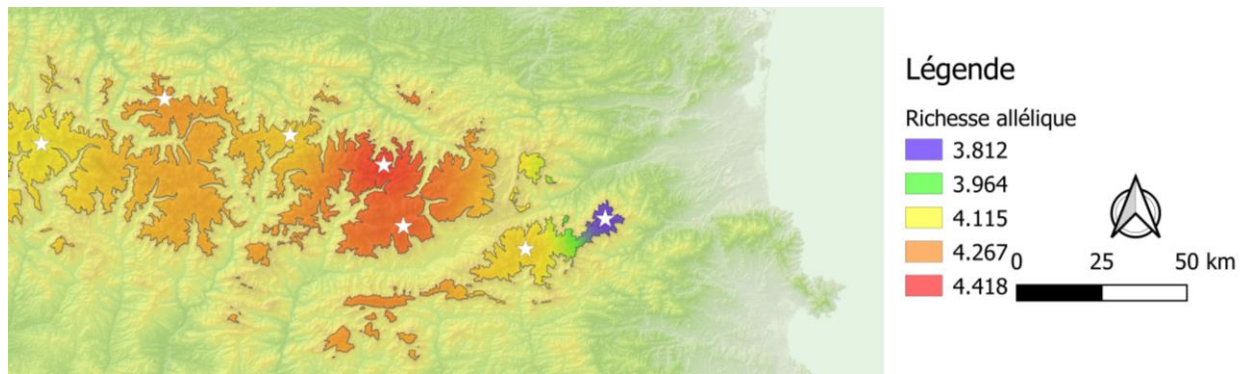


Figure 8 Modélisation spatiale de la richesse allélique des populations (étoiles blanches) de lagopèdes alpins dans les Pyrénées (Bech et al. 2013)

Plan de conservation : translocation d'oiseaux Pour freiner le processus d'érosion génétique des populations de lagopèdes alpins installées sur le chaînon oriental de l'aire de distribution Canigou-Puigmal, une action de translocation d'oiseaux depuis la haute chaîne des Pyrénées vers le chaînon oriental a été engagée dans le cadre du projet Gallipyr (*Réseau Pyrénéen des Galliformes de montagne*). En effet, les programmes de repeuplement de populations sont couramment utilisés pour renforcer la taille efficace et donc la résilience des populations menacées (Frankham et al. 2002).

Cette action transfrontalière, menée de décembre 2008 à septembre 2011, a été pilotée par l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage en partenariat avec la Generalitat de Catalunya et le Govern d'Andorra. L'action a été poursuivie d'octobre 2011 à octobre 2012 en partenariat avec le Parc naturel régional des Pyrénées Catalanes et la Fédération départementale des chasseurs des Pyrénées Orientales. Cette phase s'est déroulée dans le cadre du Fonds communs de coopération transfrontalière, soutenue par le Conseil Départemental des Pyrénées Orientales et le Conseil Régional du Languedoc Roussillon.

A l'origine, le projet prévoyait de transférer entre 15 et 20 lagopèdes alpins depuis des populations dites « sources » (Chaînon de la haute chaîne) vers des populations dites « cibles » (chaînon oriental Canigou-Puigmal (Figure 7)).

Pour limiter l'impact des prélèvements sur les populations « sources », l'objectif était de transférer des jeunes oiseaux âgés d'environ 2 mois, plutôt que des adultes. Le transfert de coq adulte a cependant été admis dans la mesure où les populations de lagopède alpin présentent naturellement un excès de coqs.



Poule équipée d'un collier collier-émetteur (Holohil system - RI2DM - 9g – 24 mois).



La première phase de l'opération, mise en œuvre au cours des mois de juillet-août de 2008 à 2012, a consisté à rechercher puis à capturer des poules accompagnées de jeunes sur les populations « sources ». Ces poules ont été équipées d'un collier-émetteur (Holohil system - RI2DM - 9g – 24 mois) afin de pouvoir suivre la nichée tout au long de l'été et, en cas de succès de la reproduction, de pouvoir capturer les jeunes en septembre, peu avant le début de leur dispersion post-natale. En septembre, les oiseaux juvéniles ont atteint leur taille adulte et peuvent être équipés à leur tour d'un collier-émetteur, un point important pour pouvoir suivre le devenir de ces oiseaux après translocation. Les transferts d'oiseaux des populations « sources » vers les populations « cibles » ont été réalisés à l'aide de l'hélicoptère de l'Unitat de Suport Aeri dels Agents Rurals (GENCAT), ce qui a permis de relâcher les oiseaux environ 30 minutes après leur capture et de réduire ainsi les temps de contention dans les boîtes de transport. Une partie seulement des jeunes capturés a été transférée, les jeunes restants étant relâchés sur le site même de capture pour servir « d'oiseaux témoins ». Ces jeunes « non transférés » ont également été équipés d'émetteurs afin de comparer leur survie avec celle des jeunes

transférés.

De 2008 à 2012, 16 poules accompagnées de jeunes ont été capturées durant les mois de juillet-août et ont permis la capture d'un total de 19 oiseaux (16 jeunes et 3 coqs adultes). Sur ces 19 oiseaux, 13 (12 jeunes, 1 coq adulte) ont été capturés sur le Puigpedrós, 4 (4 jeunes) sur Tossa Plana de Lles et 2 (2 coqs adultes) en Andorre. Sur les 19 oiseaux capturés en septembre, 8 (7 jeunes, 1 coq adulte) ont été transférés sur Vall Ter, 4 (3 jeunes, 1 coq adulte) sur le Canigou et les 7 autres (6 jeunes, 1 coq adulte) ont été relâchés sur place comme « oiseaux témoins » (4 jeunes sur Puigpedrós, 2 jeunes sur Tossa Plana de Lles et 1 coq adulte sur Andorre). En 2011, un seul jeune a été transféré. C'est donc un total de 35 oiseaux qui ont été capturés et équipés dans le cadre de ce programme.

Pour résumer, les résultats à court terme de ces translocations ont été globalement positifs, avec une faible dispersion des oiseaux transférés et un très bon taux de survie sur les 12 mois suivant les transferts. Les oiseaux transférés ont également participé à la reproduction au sein des populations cibles et ce, dès le premier printemps après lâcher. Un total de 23 jeunes volants issus de 7 couples « hybrides » (*i.e.* composé d'un oiseau transféré et d'un oiseau local) a ainsi pu être observé au cours des mois d'août de 2010 et 2011 (Novoa et al. 2014).

A l'issue de ce premier diagnostic post-translocation, nous avons décidé d'instaurer un monitoring génétique de la population pour (i) suivre l'évolution de la diversité génétique des populations cibles et (ii) voir si la signature génétique des translocations persistait à moyen terme, c'est-à-dire environ 10 ans après les derniers transferts.

> Les analyses sont en cours de publication.

Suivi génétique de la population renforcée par les translocations

De 2008 à 2011, 12 oiseaux ont été transférés de la haute chaîne des Pyrénées vers le chaînon oriental Canigou-Puigmal. Des plumes en croissance ont été collectées sur chaque oiseau transféré et conservées dans de l'alcool absolu en vue d'étudier leur signature génétique. Cette signature génétique a été comparée avec 304 échantillons d'individus collectés depuis 1988 dans les Pyrénées. Ces échantillons ont été répartis en 7 populations, sur la base de la proximité géographique entre échantillons (Bech et al. 2009, 2013). Dans les populations repeuplées (i.e. populations nommées : 'Canigou' et 'Carança-Puigmal'), nous avons séparé les échantillons collectés avant 2010 et ceux collectés en 2010 et au-delà, en considérant que les échantillons capturés dès 2010 pouvaient déjà être « introgressés » par les gènes d'oiseaux transférés. De façon générale, ce schéma nous a permis de suivre l'évolution de la diversité génétique dans le temps. La structuration génétique globale de ces individus a été déterminée à l'aide de 10 marqueurs moléculaires microsatellites.

Ce panel de marqueurs microsatellites présentait l'équilibre de Hardy et Weinberg et ne présentait pas de déséquilibre de liaison ou d'allèles nulls. De plus, tous les microsatellites étaient polymorphes avec une richesse allélique (A_r) variant de 1 à 9,87 et une Hétérozygotie attendue (H_e) comprise entre 0 et 0.946.

Les translocations d'individus n'ont pas modifié la diversité génétique ni de la population source ni des populations cibles. En effet, en dépit de leur polymorphisme, les marqueurs microsatellites n'ont pas révélé, pour ces populations, de changements significatifs de diversité génétique avant et après 2010 (Wilcoxon tests $P > 0,05$). Au niveau de la structuration génétique, nos résultats montrent des valeurs de F_{st} variant de 0 à 0,10 (F_{st} global intra-Pyrénées = 0.04) et viennent corroborer les résultats précédemment obtenus (Bech et al. 2009, 2013). En effet, les lagopèdes alpins dans les Pyrénées semblent s'organiser en deux groupes génétiques ($K=2$) localisés de part et d'autre de la vallée du Sègre (Figure 7 et 9). Ces résultats sont concordants avec les études précédentes montrant que la vallée du Sègre constitue pour le lagopède alpin une barrière géomorphologique au flux de gènes (Bech et al. 2009, 2013).

Malgré la survie et la reproduction des individus transférés, leur faible nombre a eu un effet limité sur les fréquences alléliques des populations cibles (effectif ~ 500 individus) dont les changements sont restés trop faibles pour obtenir un effet significatif des translocations sur les indices de diversité génétique (i.e. A_r et H_e) (Wilcoxon tests $P > 0,05$).

De façon plus rassurante, il est à noter que nous n'avons pas trouvé de différence significative dans les indices de diversité génétique au sein de la population source (i.e. Campcardos) avant et après translocation. Ceci suggère que les prélèvements n'ont pas impacté négativement la population prélevée.

Cependant, le programme de translocation a permis le transfert de 5 nouveaux allèles dans les populations cibles. Après translocation, sur 119 individus capturés dans les populations repeuplées, 16 individus (i.e. 13%) étaient porteurs d'au moins un de ces nouveaux allèles. Un fait remarquable est la diffusion de ces nouveaux allèles dans les

populations installées sur le massif du Puigmal, à l'extrémité ouest du chaînon, soit à près de 14km du point de translocation le plus proche. Sur ce dernier massif, et comme attendu, les translocations d'individus ont apporté du polymorphisme génétique. Ainsi alors que tous les individus étaient monomorphes pour l'un des marqueurs microsatellites (*i.e.* le marqueur BG15) avant translocation, des individus hétérozygotes, sur ce même marqueur, sont retrouvés après les transferts.

Alors que les translocations auraient dû rapprocher génétiquement les populations de part et d'autre de la vallée du Sègre (*i.e.* populations sources et cibles), le faible nombre d'individus transférés ne semblent pas compenser la divergence génétique qui devrait se poursuivre entre les populations de la haute chaîne des Pyrénées et celles situées sur le chaînon Est (*i.e.* Canigou et Carança-Puigmal) (Figure 9). Cependant, même si les plus forts effectifs des populations sur la haute chaîne devraient limiter la dérive génétique sur ces massifs, cette hypothèse ne peut être exclue complètement. Par conséquent, il serait intéressant d'avoir des échantillons récents sur la haute-Chaîne afin de caractériser leur signature génétique actuelle et de pouvoir comparer celle-ci avec celle des lagopèdes alpins actuellement situés sur le chaînon oriental.

Les individus des massifs Canigou et Carança-Puigmal ont été principalement assignés au premier groupe génétique (Canigou avant les translocations (<2010) : moyenne \pm SD : 0.86 ± 0.002 et après translocations (>2010) 0.85 ± 0.02 ; Carança Puigmal avant les translocations (<2010) : moyenne \pm SD : 0.65 ± 0.002 et après translocations (>2010) 0.66 ± 0.02), alors que les individus situés sur la haute chaîne ont été principalement assignés au second groupe génétique (Campcardos avant les translocations : moyenne \pm SD : 0.78 ± 0.001 ; et après les translocations 0.78 ± 0.001 ; Aston moyenne \pm SD : 0.87 ± 0.001 ; Ustou moyenne \pm SD : 0.85 ± 0.002 , Melles moyenne \pm SD : 0.92 ± 0.001 ; Luchon moyenne \pm SD : 0.82 ± 0.001).

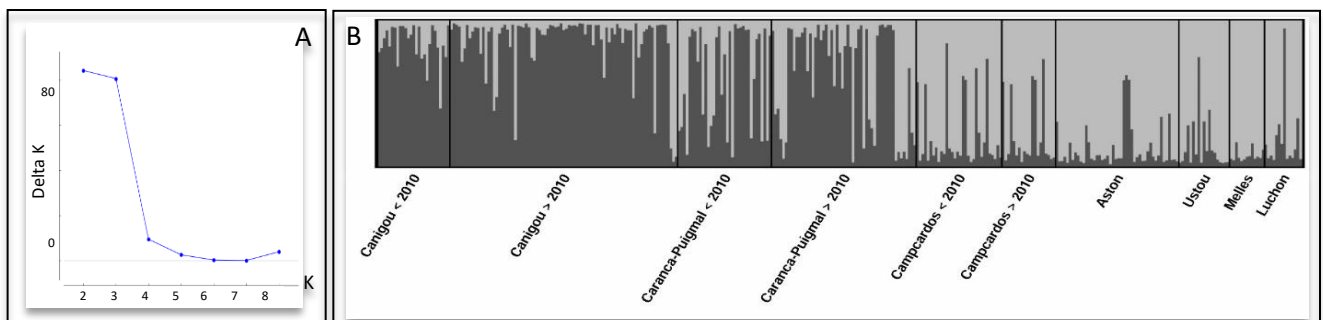


Figure 9 A/ Résultats de STRUCTURE HARVESTER version 0.6.1 (Earl & vonHoldt 2012) : Valeurs de ΔK (Evanno et al. 2005) en fonction de K (*i.e.* nombre de groupes génétiques testés, $n=8$). La probabilité moyenne la plus élevée et les valeurs delta K obtenues indiquent que la structure génétique des populations de lagopèdes alpins est caractérisée par $K=2$ groupes génétiques. Cependant, l'épaule de la courbe de ΔK à $K=3$ suggère la présence d'une sous-structure mais celle-ci est due aux individus transloqués qui se retrouvent aussi bien dans la population source (*i.e.* Campcardos, précédemment assigné dans le second groupe génétique) que dans les populations cibles (*i.e.* Canigou et Carança-Puigmal, précédemment déduits dans le premier groupe génétique). Ainsi, la population de Campcardos présente des taux d'assignation mixtes mais reste cependant principalement attribuée au groupe associé à la chaîne principale des Pyrénées. **B/** Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les $K=2$ groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 répliques indépendants pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cependant, nous avons écarté les 100 000 premières itérations correspondantes à la phase exploratoire de l'analyse. Les individus pyrénéens ont été majoritairement assignés au cluster génétique 1-gris foncé (moyenne \pm SD : 0.990 ± 0.008), alors que les individus des Alpes ont été principalement assignés au cluster génétique 2-blanc (moyenne \pm SD : 0.984 ± 0.015). Cet histogramme a été produit en utilisant le programme DISTRICT (Rosenberg 2004).

Discussion

Même si nos analyses ont montré que le programme de translocation apportait des allèles nouveaux, nous n'avons pas détecté une amélioration significative de la diversité génétique des populations cibles de lagopèdes alpins (*i.e.* Canigou et Carança-Puigmal). Cependant, d'un point de vue succès de la reproduction, ce programme s'est révélé efficace car 9 des 12 oiseaux transférés ont survécu et se sont appariés avec des individus autochtones dès la saison de reproduction suivante. Globalement, nous avons enregistré 23 individus issus de couples 'hybrides' qui sont arrivés à l'âge de dispersion. Ce résultat est intéressant car il met en relief la compatibilité, notamment génétique, des individus de part et d'autre de la vallée, et le succès de reproduction des couples 'hybrides'. Avec le transfert de quelques nouveaux allèles, les opérations de translocation ont perfusé la diversité génétique des populations cibles et ont potentiellement amélioré leur reproduction *via* un phénomène d'hétérosis. En effet, en matière de conservation, de tels transferts d'individus non apparentés ont déjà permis de reconstituer de petites populations à faible diversité génétique (*i.e.* "sauvetage génétique"), les hybrides F1 présentant une forte hétérozygotie masquant les effets des allèles délétères (Frankham et al. 2002). Ainsi, chez les Tétrras de prairie (*Tympanuchus cupido pinnatus*) dans l'Illinois (États-Unis), le transfert d'oiseaux provenant de populations plus diversifiées génétiquement a permis de rétablir la viabilité des œufs d'une population en déclin où la faible fécondité était associée à une diversité génétique réduite (Bouzat et al. 1998; Westemeier et al. 1998). Chez les lagopèdes, des translocations ont déjà été effectuées en Amérique du Nord pour établir ou réintroduire des populations (Hoffman and Giesen 1983; Kaler et al. 2010; Braun et al. 2011,) mais les projets consacrés aux lagopèdes alpins sont rares dans le monde. L'exemple le plus connu est le rétablissement de l'espèce sur l'île d'Agattu (archipel des Aléoutiennes, Alaska) grâce à la réintroduction de 75 oiseaux capturés sur l'île voisine d'Attu (Kaler et al. 2010).

A ce stade, cette étude doit être considérée comme une étude pilote au niveau européen, puisque des translocations de lagopède alpin sauvages entre populations n'avaient jamais été réalisées jusqu'à présent en Europe. Notre étude montre d'une part la faisabilité technique de telles opérations puisqu'elle fournit non seulement des indications précieuses en termes de survie et de reproduction des individus transférés mais aussi en termes de transport d'allèles au sein des populations cibles. Ces nouveaux résultats sont encourageants pour ce type de programme, qui reste très peu utilisé au niveau européen.

Publications associées :

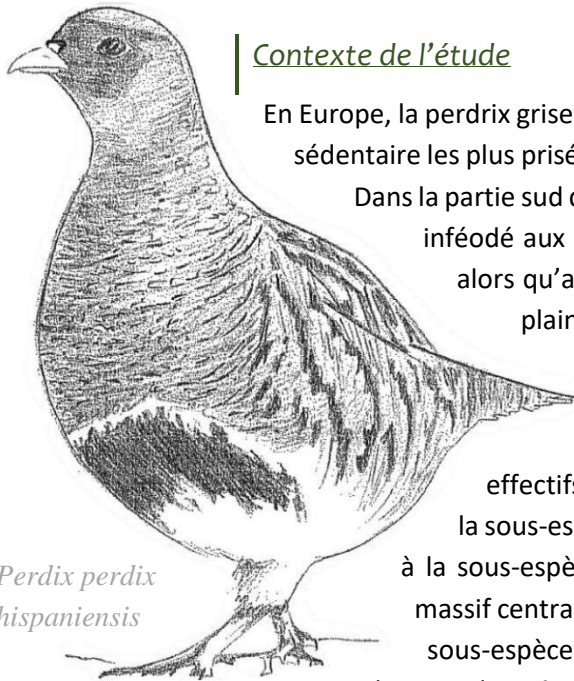
- N. BECH**, J. BOISSIER, S. DROVETSKI, & C. NOVOA. (2009) Population genetic structure of rock ptarmigan in the 'Sky Island' of French Pyrenees : implications for conservation. **Animal conservation**, 12 :138-146. doi.org/10.1111/j.1469-1795.2008.00233.x.
- N. BECH**, S. BELTRAN, J.F. ALLIENNE, J. RESSEGUIER. & J. BOISSIER. (2012) Bird mortality related to collisions with ski-lift cables : do we estimate just the tip of the iceberg? **Animal Biodiversity and Conservation**, 35(1) : 95-98. HAL Id : [halsde-00728925](https://hal.inrae.fr/halsde-00728925), version 1.
- N. BECH**, E. QUEMERE, C. BARBU, C. NOVOA and J. BOISSIER. (2013) Pyrenean Ptarmigan Decline under Climatic and Human influences through the Holocene. **Heredity**, 111 : 402-409. doi.org/10.1038/hdy.2013.62 IF=3.8
- C.NOVOA, **N.BECH**, E.BRO, J. RESSEGUIER, R. MARTINEZ-VIDAL, D. GARCIA FERRÉ, J SOLA DE LA TORRE, J.BOISSIER. (2014) A translocation experiment for improving the genetic diversity of an isolated population of Pyrenean rock ptarmigan (*Lagopus muta pyrenaica*). **Grouse news**, 47 : 11-18.

Comme évoqué précédemment, le suivi génétique des populations repeuplées est actuellement en cours d'analyse et devrait prochainement faire l'objet d'une publication.

Ces travaux, menés sur le allopède alpin des Pyrénées et réalisés en étroite collaboration avec les acteurs de terrain, ont pu se traduire par une action de conservation. Même si de telles actions de repeuplement étaient couramment utilisées au début des années 2010 sur le continent Nord Américain, en Europe, ce renforcement de populations a fait partie des premiers et montre la faisabilité de ce type d'actions de conservation.



c. Conservation de la diversité génétique des populations naturelles de perdrix grise : la question des lâchers d'oiseaux d'élevage



Contexte de l'étude

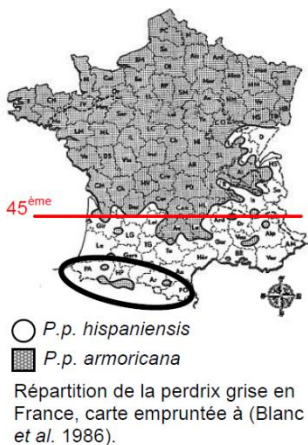
En Europe, la perdrix grise (*Perdix perdix*) représente l'une des espèces de petit gibier sédentaire les plus prisées. En France, on distingue deux écotypes de *Perdix perdix*.

Dans la partie sud de l'aire de distribution, on retrouve l'écotype de montagne inféodé aux moyennes et hautes altitudes (>1000 m) (Lescourret 1988) alors qu'au nord (et à l'ouest de l'Europe), on retrouve l'écotype de plaine inféodé aux milieux cultivés de basses altitudes (<500 mètres d'altitude) (O.N.C. 1988) (Blanc et al. 1986). En

France, l'écotype de plaine se rattache exclusivement à la sous-espèce *P. p. armoricana*, dont une grande partie des effectifs se situe en Beauce. L'écotype de montagne est rattaché à

la sous-espèce *P. p. hispaniensis* pour les populations pyrénéennes et à la sous-espèce *P. p. armoricana* pour les populations situées dans le massif central (Mont Lozère) (Martin et al. 2003). Actuellement, les deux sous-espèces sont séparées par un couloir large de 100 kilomètres situé

en dessous du 45° parallèle. Des raisons climatiques semblent expliquer cette séparation. En effet, la perdrix grise est bien adaptée au climat tempéré ou continental, mais supporte très peu les climats chauds du sud, évitant ainsi les zones où les températures moyennes des mois les plus chauds excèdent 21°C. Ceci pourrait expliquer son absence actuelle dans le bassin méditerranéen (Birkan and Jacob 1988). L'origine de la séparation entre les perdrix grises de plaine (*P. p. armoricana*) et les perdrix grises des montagnes pyrénéennes (*P. p. hispaniensis*) ferait suite à la fin de la période de glaciation, il y a 10.000 ans (Lescourret and Catusse 1987). Les ancêtres des perdrix grises actuelles, présentes au Pléistocène et ayant survécu à cette glaciation, auraient colonisé les moyennes altitudes dans un premier temps, puis, auraient occupé des pelouses et d'autres biotopes de plus en plus élevés.



Dans le Bassin parisien, *P.p. armoricana* est passé d'un effectif estimé à 1.7-2.9 millions de couples en 1989-1990 à 1.1-2.3 millions de couples au début des années 2000 (Bro et al. 2006). Ce déclin a été évalué à plus de 30% et serait dû à certaines difficultés rencontrées par l'espèce dans son milieu de vie (Bro et al. 2006). En effet, en France, cette chute d'effectif serait dû à une contraction de l'aire de répartition de l'espèce et à une succession d'années à faible taux de reproduction (Bro et al. 2009).

Dans les Pyrénées, en dépit d'une régression en marge de son aire de répartition (Novoa 1998), *P. p. hispaniensis* ne semble pas être en danger et présente des effectifs très fluctuants mais relativement stables. Cependant, comme pour la perdrix de plaine, les effectifs semblent être tributaires d'un certain nombre de facteurs limitants qui

rendent d'autant plus vulnérable l'espèce. Parmi ceux-ci nous pouvons distinguer la fermeture des milieux ou encore la sur-fréquentation des milieux montagnards. En France, ces deux sous-espèces de perdrix grises ont été classées comme 'Near threatened' (CSRPN 2013; UICN-France, MNHN, LPO, SEOF, ONCFS 2016) et des lâchers de perdrix d'élevages ont été effectués chez les deux sous-espèces dès le milieu du 20^{ème} siècle à des fins cynégétiques, pour renforcer les populations naturelles en régression (Birkan 1971). Cependant, en France, les individus fondateurs des élevages ont le plus souvent été prélevés dans le bastion de l'espèce qu'était alors la Beauce, mais des perdrix provenant d'Europe orientale et du Danemark ont probablement été incorporées aussi (Blanc et al. 1986). La plupart des perdrix grises d'élevage lâchées en milieu naturel ont peu de chance de survie pendant la période hivernale, à cause de mal-adaptations anatomiques, morphologiques et comportementales (Guitart and Cassaing 2000; Bro and Mayot 2006). Cependant, il arrive que certains individus lâchés survivent jusqu'au printemps suivant et se reproduisent avec des individus autochtones sauvages. Ces couples « mixtes » donnent alors naissance à des descendants hybrides, premier signe véritable d'une introgression génétique de perdrix d'élevages dans les populations de perdrix sauvages. Ce phénomène n'est pas anodin puisque l'hybridation peut, dans certains cas, entraîner une perte d'adaptations locales augmentant les risques d'extinction (Barton 2001). Par exemple, depuis 1975, des lâchers massifs de perdrix grises d'élevages auraient contribué à la disparition de l'empreinte génétique caractéristique de la sous-espèce de perdrix grise endémique d'Italie *Perdix perdix italica* (Liukkonen-Anttila et al. 2002).



Au niveau pyrénéen, une introgression de gènes de perdrix d'élevage de plaine, *Perdix perdix armoricana*, a été détectée chez les perdrix sauvages des Pyrénées *P. p. hispaniensis* (Blanc et al. 1986; Martin et al. 2003). Sur la base de marqueurs moléculaires mitochondriaux, le taux d'hybridation entre ces deux sous-espèces, naturellement allopatriques, a même été estimé à 42 % au sein des Pyrénées (Martin et al. 2003; Novoa et al. 2005). Ainsi, dans les Pyrénées et par principe de précaution, les lâchers de perdrix grises d'élevage ont progressivement été interdits sur l'ensemble de la zone de montagne des cinq départements français concernées (Ariège (09), Haute Garonne (31), Pyrénées Atlantiques (64), Haute Pyrénées (65), Pyrénées orientales (66)).

Conséquence des lâchers de perdrix grise d'élevage en France

Dans le cadre de notre étude (Bech et al. 2020), nous avons déterminé la structuration génétique des perdrix grises en France et nous avons (ré)évaluer les taux d'introgression génétique chez les deux sous-espèces *P. p. armoricana* et *P. p. hispaniensis*. Pour cela nous avons utilisé des marqueurs moléculaires nucléaires (*i.e.*

microsatellites, $n=12$) à héritabilité biparentale (ce qui n'avait encore jamais été entrepris dans les Pyrénées) alors que les marqueurs moléculaires mitochondriaux précédemment utilisés par (Martin et al. 2003) ont une héritabilité uniquement maternelle.

Notre étude comprenait des perdrix grises :

- Prélevées dans les Pyrénées ($n=604$ individus répartis en 17 populations géographiques) et provenant du Bassin parisien ($n= 149$ individus répartis en 5 populations) *a priori* sauvages,
- et des perdrix d'élevages ayant servi à repeupler les populations naturelles des Pyrénées ($n=41$ individus) et du Bassin parisien ($n= 189$ individus) (Figure 10).

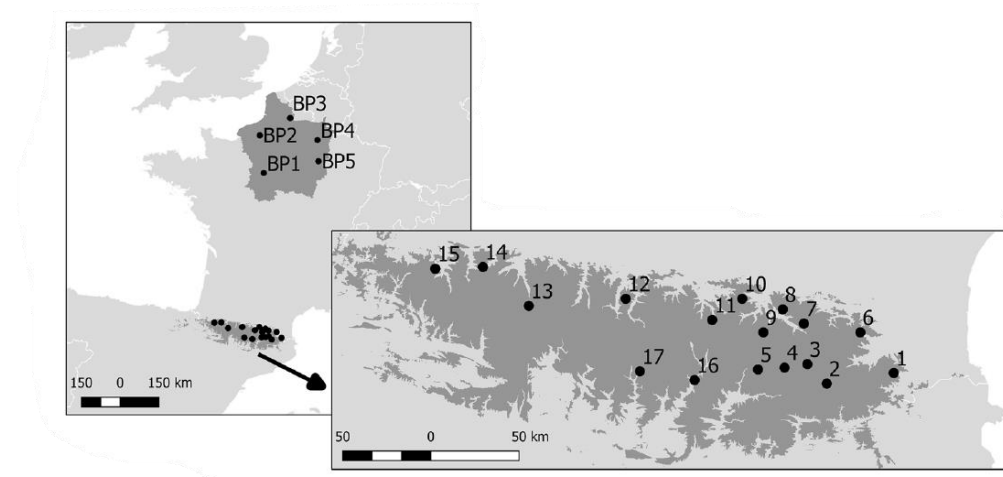
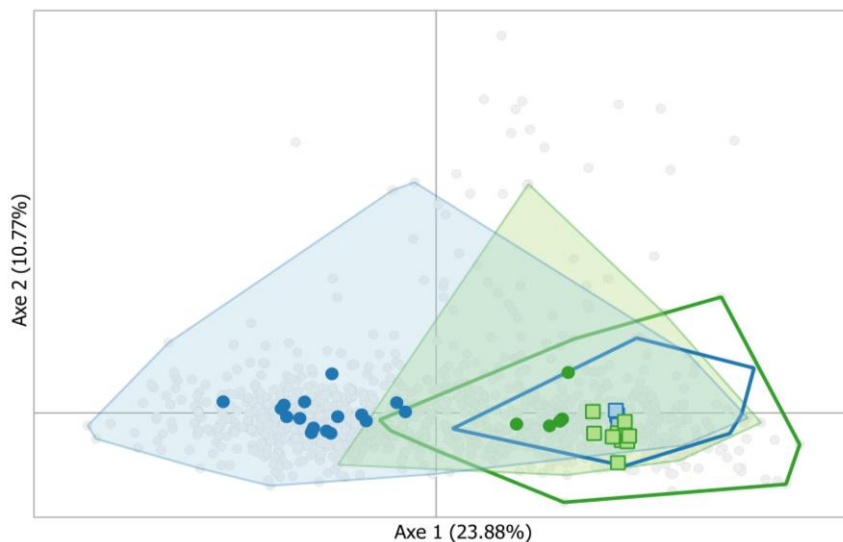


Figure 10 : Carte de la zone d'étude et des populations de perdrix grises analysées (de 1 à 17 dans les Pyrénées et de BP1 à BP5 dans le Bassin parisien).

Globalement, notre panel de marqueurs microsatellites présentait l'équilibre de Hardy et Weinberg et ne présentait pas de déséquilibre de liaison ou d'allèles nuls. De plus, tous les microsatellites étaient polymorphes avec une richesse allélique (A_r) variant de 1.767 à 6.379 et une Hétérozygotie attendue (H_e) comprise entre 0.232 et 0.944.

De manière attendue, la structuration génétique des perdrix grises en France a révélé une différenciation génétique significative entre les deux sous-espèces (F_{st} moyen = 0.072). Concernant les perdrix d'élevages, celles-ci présentent une différenciation génétique bien moindre avec les perdrix du Bassin parisien (F_{st} moyen = 0.026) qu'avec les perdrix des Pyrénées (F_{st} moyen = 0.108) (Figure 11). Ce résultat suggère que les « individus fondateurs » des élevages de perdrix grises, utilisés à des fins de repeuplement de populations naturelles, étaient probablement des perdrix grises se rapprochant de la sous-espèce de plaine *P. p. armoricana*. Alors que l'utilisation de ces perdrix pour le renforcement des populations naturelles dans le Bassin parisien ne semble pas (ou peu) poser de problème, du moins d'un point de vue génétique, le renforcement des populations naturelles pyrénéennes à partir de ces individus d'élevages semble représenter un risque majeur pour l'intégrité génétique de la sous-espèce *P.p. hispaniensis*.



Légende

Individus

- Individus 'sauvages' du Bassin Parisien (5 populations; n=149)
- Individus 'sauvages' des Pyrénées (17 populations; n=604)
- Individus d'élevages du Bassin Parisien (9 élevages; n=194)
- Individus d'élevages des Pyrénées (3 élevages; n=41)

Enveloppes

- Individus 'sauvages' du Bassin Parisien
- Individus 'sauvages' des Pyrénées
- Individus d'élevages du Bassin Parisien
- Individus d'élevages des Pyrénées

Figure 11 Analyse factorielle des correspondances (AFC) basée sur les génotypes des individus. Cette ACF a été réalisée à partir des génotypes des individus du Bassin Parisien et des Pyrénées en utilisant le logiciel GENETIX v.4.05.2 (Belkhir et al. 1996). Alors que les individus ont été caractérisés par des cercles gris clair, nous avons représenté ici les centroïdes des groupes afin de faciliter les interprétations.

Dans le cadre de cette étude, notre méthodologie, combinant modélisations et statistiques, n'a pas permis de classer les individus analysés dans des catégories d'hybrides bien différenciées (i.e. F1, F2, F3...). Cependant, parmi les 604 individus pyrénéens analysés, 100 n'ont pas été classés en tant qu'individus sauvages (Bech et al. 2020). Ces individus pourraient donc être des individus hybrides et suggérer un taux d'environ 16% d'hybridation dans les Pyrénées. Toutefois, même si ce taux se confirmait, l'introgression génétique dans les Pyrénées ne semble pas se distribuer géographiquement de façon homogène (Figure 12).

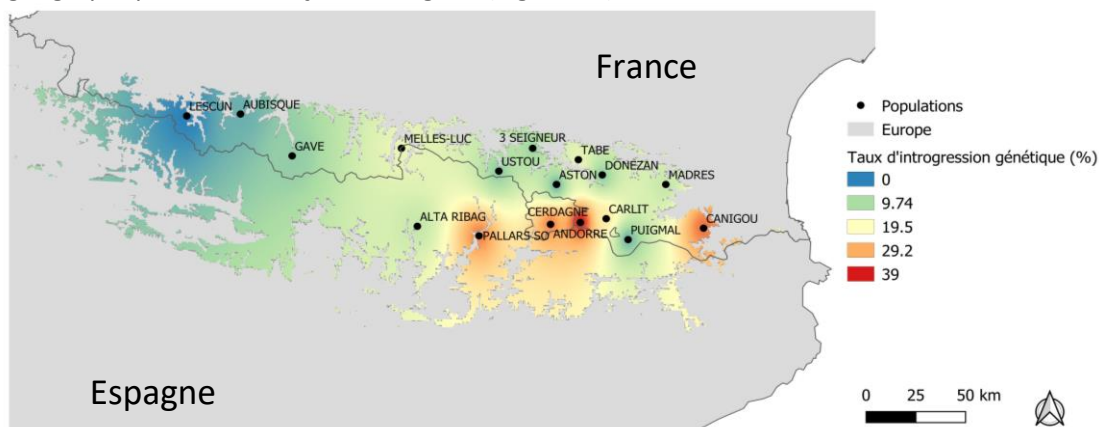


Figure 12 : Modélisation spatiale des taux d'introgression génétique des perdrix grises sauvages des Pyrénées par des perdrix grises d'élevages.

Comme nous pouvons le remarquer sur la figure 12, les populations de perdrix grises situées sur le versant espagnol de la chaîne des Pyrénées présentent des taux d'introgression génétique importants. Ce résultat est concordant avec les pratiques de lâchers de perdrix grises qui subsistent encore en Andorre et en Catalogne espagnole, quoiqu'il s'agisse dans ce dernier cas de spécimens de souche locale. En effet, ces populations sont essentiellement renforcées par des lâchers issus notamment de l'élevage situé à Esterra d'Aneu, en Catalogne espagnole. Même si cet élevage a été constitué, au moins en partie, à partir de perdrix grises sauvages des Pyrénées capturées en nature, les oiseaux qu'il produit présentent des différenciations génétiques significatives avec les perdrix grises des Pyrénées (F_{st} moyen = 0.096). Ce phénomène pourrait être dû à une dérive génétique intrinsèque à l'élevage combiné potentiellement à un régime consanguin. Par ailleurs, il existe plusieurs facteurs permettant d'expliquer la moindre proportion d'individus introgressés dans les autres populations : d'une part, les faibles capacités de dispersion des perdrix grises (*i.e.* ~20 kilomètres pour les mâles et ~10 kilomètres pour les femelles (BECH 2010)), qui limiteraient la propagation des gènes d'élevage dans le milieu, et d'autre part, le faible taux de survie post-lâcher des oiseaux d'élevage (Guitart and Cassaing 2000; Bro and Mayot 2006). De plus, la contribution des oiseaux d'élevage à l'introgression génétique des populations sauvages dépend surtout de la quantité d'oiseaux lâchés qui est différent sur chaque localité.

Conclusion

A l'issue de cette étude, force est de constater que l'introgression de gènes de perdrix d'élevage au sein des populations sauvages de perdrix grise des Pyrénées confirment les premiers résultats établis par Martin *et al.* (2003). Même si cette introgression est présente d'est en ouest de la chaîne, elle n'est véritablement marquée que sur quelques régions bien ciblées. En effet, alors que la pratique des lâchers de perdrix grises d'élevage dans les Pyrénées est interdite depuis quelques années dans les cinq départements français, il n'en est pas de même en Espagne et en Andorre. Il serait donc judicieux de cordonner la réglementation au niveau des pays frontaliers partageant une biodiversité commune. En effet, une telle hybridation pourrait conférer une moins bonne adaptation au milieu aux descendants hybrides et donc représenter une menace pour la pérennité de la perdrix grise des Pyrénées. En effet, outre le fait que l'hybridation peut être le moteur d'une diversification génétique entraînant une meilleure valeur adaptative (Randi and Bernard-Laurent 1998), pour la perdrix grise des Pyrénées, les individus lâchés proviennent d'élevages fondés à partir d'individus *P.p. armoricana* : sous-espèce allopatrique à *P. p. hispaniensis* endémique des Pyrénées. Les deux sous-espèces ayant chacune des habitats particuliers et une écologie bien différente, il semble donc difficile d'envisager cette hybridation comme un moteur d'évolution adaptative. Ainsi, afin de préserver l'identité génétique des sous-espèces aux populations repeuplées, les éleveurs ont réalisé, non pas des élevages au sens classique du terme, mais plutôt des « conservatoires de souches ». Ces conservatoires désignent des élevages créés à partir d'individus sauvages et locaux, le plus souvent *via* la récupération de pontes abandonnées ou de jeunes individus capturés en nature. Pour la perdrix grise, de tels conservatoires existent déjà en Catalogne sur la commune d'Esterra d'Aneu en Espagne pour la sous-espèce *P. p.*

hispaniensis. Un tel projet a également été testé pour la perdrix grise de plaine au centre d'élevage des Vindrins (ONCFS) mais les difficultés rencontrées pour la production de jeunes à partir de reproducteurs de souche sauvage maintenus en captivité (Millot et al. 2012) puis le taux élevé de mortalité des perdreaux produits une fois introduits en nature (Mayot et al. 2012) n'ont pas incité à poursuivre l'essai. L'intérêt de ces conservatoires serait de pouvoir reconstituer des populations éteintes ou de renforcer des populations marginales à l'aide de génotypes d'origine locale. Ainsi, les politiques de gestion de ces conservatoires répondraient plus à un souci de conservation et de gestion des populations sauvages plutôt que de production d'oiseaux destinés à être lâchés à des fins cynégétiques. De plus, de telles structures viendraient limiter le problème d'introgression génétique engendré par les lâchers actuels. Cependant, le suivi génétique au fil des générations reste plus que jamais nécessaire dans les conservatoires. En effet, selon le succès de la reproduction, des goulots d'étranglement pourraient apparaître à chaque génération et être responsables d'une perte de diversité génétique pouvant entraîner une modification de certains traits de vie (Blanc et al. 1986), avec la possibilité de mal-adaptations au milieu naturel lors des repeuplements. D'ailleurs, la comparaison de la signature génétique entre les populations sauvages des Pyrénées et celles du conservatoire d'Estერი d'Aneu a montré une différenciation génétique significative malgré les efforts du conservatoire à élever des perdrix prélevées en nature.

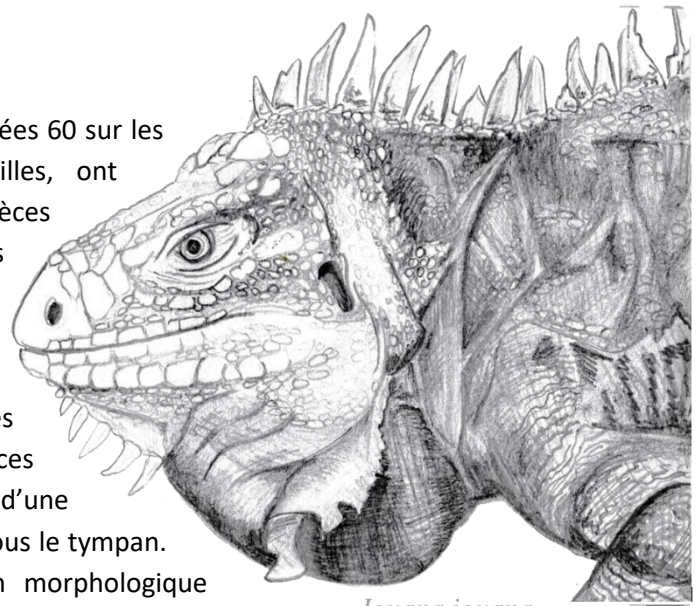
Publications associées :

- N. BECH, J.F. ALLIENNE, C. NOVOA & J. BOISSIER.** (2010) Transferability of microsatellite markers among economically and ecologically important galliform birds. **Genetics and Molecular Research**, 9 :1121-1129. [DOI : 10.4238/vol9-2gmr760](https://doi.org/10.4238/vol9-2gmr760)
- N. BECH, S. MANEL, E. BRO, C. NOVOA, B. BIAOUI GEORGE, S. BELTRAN, and J. BOISSIER** (2014) Genetic connectivity of the grey partridge in central northern France in a highly man dominated landscape. **Conservation Genetics** 15 : 1001-1011. doi.org/10.1007/s10592-014-0594-z IF=1.8
- N. BECH, C. NOVOA, J.F. ALLIENNE, J. BOISSIER, E. BRO.** Quantifying genetic distance between wild and captive strains of grey partridge *Perdix perdix* in France : conservation implications (2019). **Biodiversity and conservation** 29 : 609–624. <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01901-w>. IF=3.14

Basés sur une approche génétique et issus d'une étroite collaboration avec les acteurs de terrain, nos résultats ont favorisé la poursuite de l'interdiction de lâchers de perdrix grises dans les Pyrénées mais n'ont pas mis en évidence de frein particulier quant-à la gestion des lâchers de perdrix d'élevage dans le Bassin parisien. En effet, dans le Bassin parisien, compte tenu de la faible différenciation génétique entre les perdrix grises d'élevages et sauvages, les lâchers d'individus ne semblent pas mettre en péril l'intégrité génétique des perdrix sauvages. En 2009, une partie de ces résultats a également été présentée auprès de la Communauté d'Andorre qui voulait créer un élevage conservatoire de perdrix grises des Pyrénées à partir d'individus prélevés en Nature. Nos échanges les ont mis en garde quant aux difficultés à maintenir, dans le temps, une signature génétique proche des individus fondateurs.

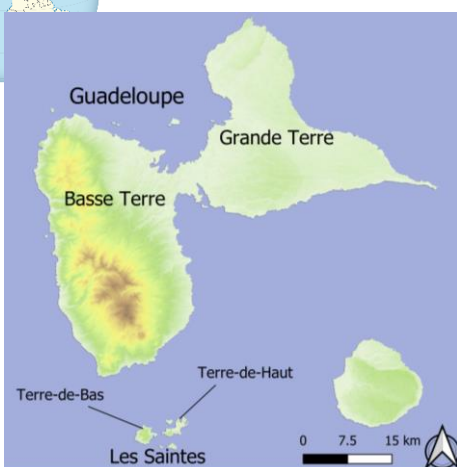
d. Un iguane peut en cacher un autre

Les travaux réalisés dans les années 60 sur les iguanes dans les Petites Antilles, ont reconnu l'existence de deux espèces d'iguanes : l'iguane des Petites Antilles (*Iguana delicatissima*) et l'iguane commun (*Iguana iguana*) – espèces décrites au XVIIIème siècle. L'un des critères morphologiques pour distinguer ces deux espèces était la présence d'une grande écaille circulaire située sous le tympan. Selon ces travaux, la variation morphologique régulière rencontrée chez l'iguane commun s'expliquait par une variation naturelle latitudinale. Ainsi, basé sur des critères morphologiques, Lazell (1973) a reconnu trois groupes d'*I. iguana* dans les Petites Antilles :

*Iguana iguana*

- Le groupe Guadeloupe (présent seulement aux Saintes et à la Basse Terre dans les années 60) regroupe des iguanes qui sont tout à fait ordinaires et qui ressemblent à ceux du nord-est de l'Amérique du Sud.
- Le groupe Nord (Montserrat, Saba et, dans les Grandes Antilles, Sainte-Croix), qui semble se distinguer par une plus grande proportion d'individus mélaniques avec de grandes écailles tuberculeuses de la nuque et des pointes sur la crête dorsale.
- Le groupe Sud entre Sainte-Lucie et Grenade, caractérisé par des bandes verticales sur le corps et par des cornes nasales.

Les iguanes du groupe 'Guadeloupe'



La bibliographie montre que les recherches historiques, morphologiques et génétiques ont révélé que les iguanes communs présents aux Saintes étaient originaires du continent (*i.e.* Guyane) (Lazell 1973). Ceux-ci sont arrivés aux Saintes à partir du milieu du XIXème siècle avec les échanges de prisonniers entre les différents bagnes de la région (Breuil 2002, 2009, 2013, 2016). Depuis, il est apparu clairement qu'*I. iguana* est une espèce exotique envahissante dans l'archipel guadeloupéen (Breuil 2002, 2003) et que des croisements fréquents ont lieu entre *I. delicatissima*, endémique des Saintes, et *I. iguana* notamment à Grande-Terre et à Basse-Terre, donnant lieu à des hybrides fertiles et morphologiquement intermédiaires (Breuil 2002, 2003). Au niveau de ces îles, le résultat malheureux a été l'élimination de l'espèce indigène *I. delicatissima* par hybridation et compétition dans Terre de Haut et Terre de bas (Iles

des Saintes) et Grande-Terre, un processus qui se poursuit actuellement sur Basse-Terre (Breuil 2013, 2016; Vuillaume et al. 2015). Depuis la Guadeloupe, les iguanes exotiques se sont répandus au nord et au sud. En effet, dans les années 60, le Père Pinchon a apporté *I. iguana* des Saintes à la Martinique, et cette espèce envahissante se trouve maintenant dans le sud de la Martinique (Breuil 2011). Plus tard, suite à l'ouragan Luis en septembre 1995, des douzaines d'iguanes ont été transportés sur des radeaux composés de rondins, de végétation, de débris de maison et de déchets de la Guadeloupe vers Antigua, Barbuda et Anguilla (Daltry pers. obs.) (Censky et al. 1998) : l'origine guadeloupéenne de ces iguanes a été déduite de leur morphologie (Breuil 1999). Anguilla et Barbuda ont maintenant des populations croissantes d'*I. iguana* non indigènes (Powell and Henderson 2012). D'autres iguanes sont arrivés dans les Antilles en tant qu'animaux de compagnie, provenant probablement de centres d'élevage en Amérique centrale (Kraus 2009). Morphologiquement, ces iguanes ont tendance à être plus grands que la forme guadeloupéenne, avec souvent un iris jaune-orange, des cornes médianes plates sur le museau, de grandes écailles tuberculeuses sur la nuque et une très grande plaque sous-tympanique.

De notre côté, nous nous sommes concentrés, à des fins de conservation, sur le groupe Nord et Sud afin de décrire la diversité des iguanes sur les îles considérées et déterminer un potentiel risque d'hybridation.

Les iguanes du groupe 'Nord'

Basés sur des critères morphologiques et génétiques, nos résultats ont montré que les iguanes de Saba et Montserrat ont été reconnus comme formant une nouvelle espèce *I. melanoderma* qui se caractérise, en plus de son originalité génétique (Figure 13), par un mélanisme prononcé - d'où son nom (Breuil et al. 2020). La répartition de cette espèce est très curieuse, elle habite aussi quelques îles des Grandes Antilles et les îles Vierges. Cette répartition discontinue s'explique par un transport par les Amérindiens mais aussi un transport par des radeaux de végétation.

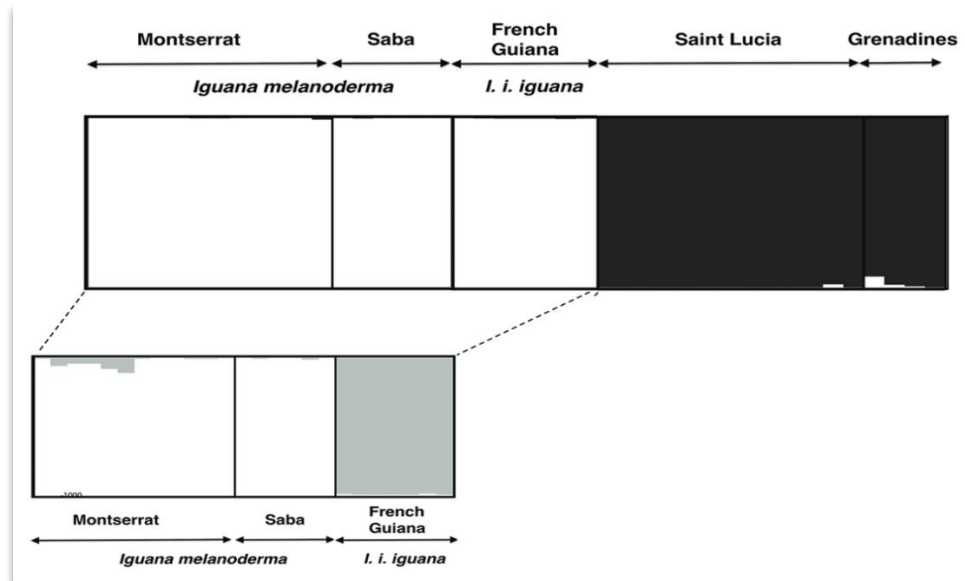


Figure 13 Structure hiérarchique des iguanes analysés. Une première analyse distingue bien les individus de Montserrat, Saba et de Guyane française des individus localisés à Sainte Lucie et dans les Grenadines. Une analyse impliquant uniquement les individus de Montserrat, Saba et de Guyane Française distingue ces derniers des autres suggérant une signature génétique propre chez les individus de Montserrat et Saba. Ces histogrammes montrent les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les différents groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 réplicas indépendants pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cependant, nous avons écarté les 100 000 premières itérations correspondantes à la phase exploratoire de l'analyse.

Au regard de (i) l'endémicité de *I. melanoderma*, (ii) de la petitesse de son aire de distribution (Figure 14), (iii) d'une petite taille efficace de population estimée à 400 adultes, (iv) d'une pression importante sur le biotope, (v) de la chasse qui est rare mais présente, (vi) de la présence des chiens, des chats et des véhicules à moteur qui peuvent tuer les iguanes, (vii) des iguanes invasifs qui pourraient arriver comme cela a été le cas en Guadeloupe, cette sous-espèce, nouvellement décrite par nos travaux, pourrait être, selon les critères de l'UICN, en danger critique d'extinction sur les îles de Saba et Montserrat (Breuil et al. 2022).

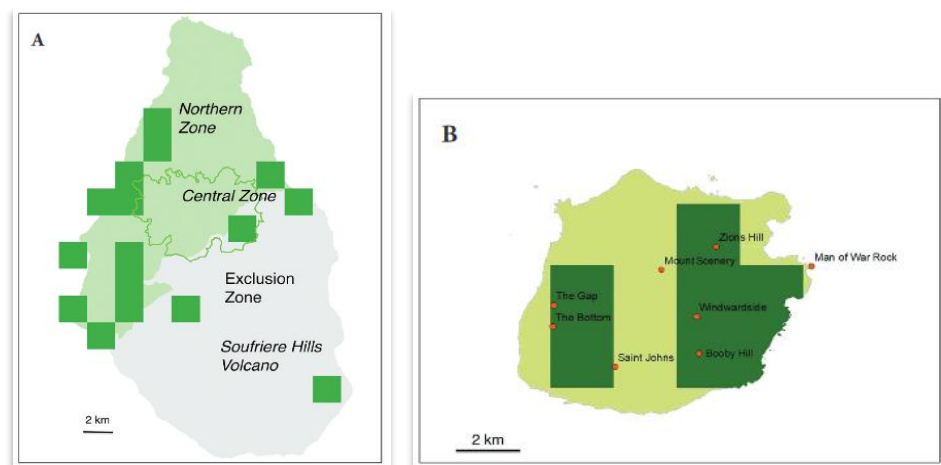


Figure 14 Distribution d'Iguana melanoderma à Montserrat (A) et Saba (B). Chaque carré vert (2x2 km) représente la distribution de l'espèce – tirée de (Breuil et al. 2022).

Les iguanes du groupe 'Sud'

Le groupe Sud des iguanes s'étend de l'île de Sainte Lucie jusqu'à Grenada. Sur l'île Sainte Lucie, des individus *I. iguana* exotiques envahissants auraient été introduits clandestinement à l'état juvénile à la fin des années 1980 et des individus se seraient également échappés de cages situées dans le parc d'un hôtel de Soufrière (sud-ouest de Sainte-Lucie) en 2007. Comme les iguanes envahissants ont commencé à se multiplier malgré les efforts du Département des Forêts et du Durrell Wildlife Conservation Trust pour les attraper et les éliminer, la population d'iguanes indigènes est devenue menacée par de possibles hybridations et compétitions (Morton and Krauss 2011). Actuellement, la population d'iguanes envahissants se développe dans le sud-ouest de Sainte-Lucie, alors que la population d'iguanes indigènes se trouve à moins de 15 km de là, dans le nord-est (Figure 15).

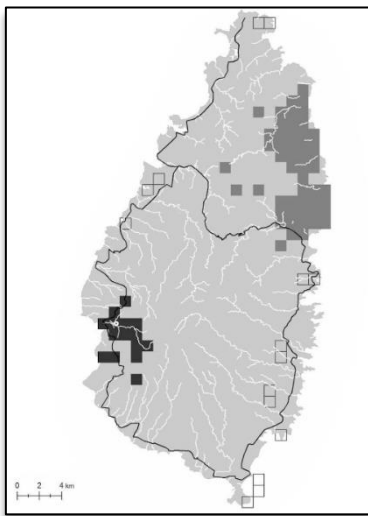


Figure 15 Distribution des iguanes à Sainte-Lucie (mailles de 1x1 km). Les données proviennent de Morton et al. (2007). Les carrés gris représentent des iguanes endémiques de Sainte-Lucie, les carrés noirs représentent des iguanes étrangers provenant d'Amérique centrale. Les "fausses absences" ont été minimisées en interrogeant les personnes sur la présence d'iguanes dans les mailles de la grille et confirmée par une approche de terrain. Nous avons rejeté certaines observations d'iguanes indigènes, représentées ici par des carrés ouverts, lorsque nous avons un doute sur l'identification. Ces schémas de distribution suggèrent que l'intérieur montagneux de Sainte-Lucie peut créer au moins une barrière partielle aux mouvements directs est-ouest des iguanes.

Le statut des iguanes à Grenade et à St Vincent & les Grenadines n'est pas très bien compris et connu car les iguanes ont longtemps été considérés comme une espèce de gibier relativement abondante qui pouvait être chassée. Quoi qu'il en soit, *I. iguana* se retrouve en grand nombre et est considéré comme envahissant sur les plus grandes îles, y compris les îles principales de Grenade et de Saint-Vincent. De plus, en 2005, ignorant la diversité possible des taxons d'iguanes, le département des forêts de Saint-Vincent-et-les-Grenadines a déplacé 260 iguanes indigènes de Palm Island vers les Tobago Cays (également dans les Grenadines) et les jardins botaniques de Kingstown, à Saint-Vincent, en réponse aux plaintes des propriétaires d'un centre de villégiature de Palm Island, qui estimaient que les iguanes devenaient une nuisance.

Basés sur des marqueurs microsatellites et mitochondriaux, nos résultats ont confirmé l'hybridation entre *I. delicatissima* et *I. iguana* sur Sainte Lucie avec des croisements se déroulant dans les deux sens (Figure 16). Les résultats obtenus ont également révélé que ces hybrides étaient fertiles, se reproduisant entre eux mais aussi avec des iguanes des deux espèces parentales. En raison du caractère invasif de l'espèce *I. iguana* (plus grande et plus féconde), le génome d'*I. delicatissima* se trouve de plus en plus introgressé par le génome d'*I. iguana* et il devient de plus en plus rare de trouver des *I. delicatissima* de souches pures. Ainsi, ces deux espèces, parfaitement différenciées depuis environ 10 millions d'années, ont conservé leurs capacités à produire une descendance commune fertile. Ce faisant, et sans le savoir, ces deux espèces violent la

définition biologique de l'espèce qui implique que deux individus de deux espèces différentes ne peuvent produire ensemble des hybrides fertiles.

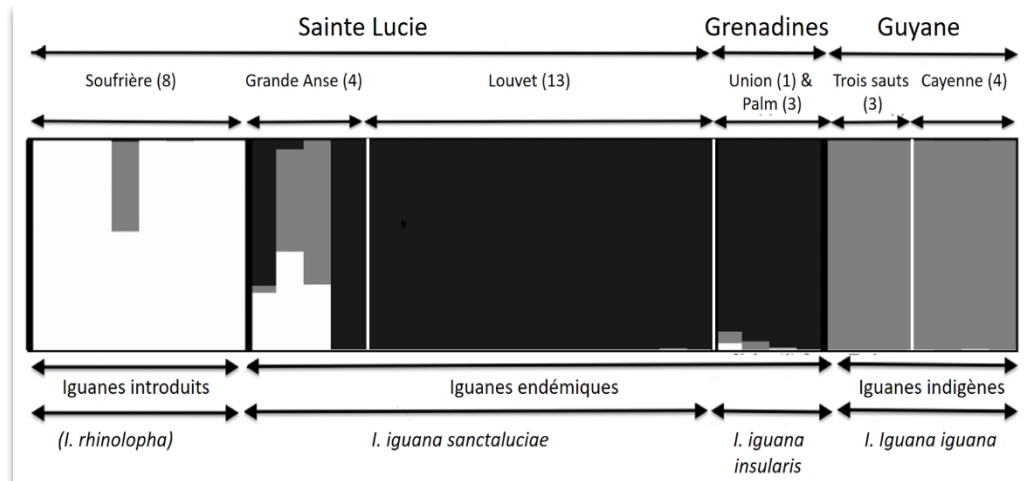


Figure 16 Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les $K=3$ groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 répliques indépendantes pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cependant, nous avons écarté les 100 000 premières itérations correspondantes à la phase exploratoire de l'analyse. A Sainte Lucie, les individus de Louvet montrent une signature génétique propre que nous avons associée à la sous-espèce *I. iguana sanctaluciae* – tout comme les individus des Grenadines-, les individus échantillonnés à la Soufrière, quant à eux, montrent une signature génétique différente et propre à *I. rhinolopha*. La différence de signature génétique nous a permis de mettre en évidence des individus hybrides notamment au niveau de Grand Anse. Cet histogramme a été produit en utilisant le programme DISTRUCT (Rosenberg 2004).

De plus, de Grenade à Sainte Lucie, nos résultats ont également permis de montrer que les iguanes du genre *Iguana* formaient un groupe monophylétique, c'est-à-dire dérivant d'un ancêtre commun à partir duquel plusieurs espèces ont divergé. En effet, sur la base de critères phénotypiques et génétiques, nous avons décrit l'espèce *I. insularis* comprenant deux sous-espèces.

I. insularis se caractérise, entre autres, par la présence de cornes nasales médianes et latérales et d'une écaille subtympanique de petite taille. On distingue ainsi, la sous-espèce *I. insularis insularis* qui se retrouve aux Grenadines et présente une couleur beige (tête, fanon, corps) tirant sur le beige avec des bandes corporelles foncées qui s'estompent avec l'âge. La sous-espèce *I. insularis sanctaluciae*, quant-à elle, habite uniquement Sainte Lucie. Elle se distingue, chez les adultes âgés, par des bandes corporelles noires et un fanon entièrement noir (Figure 17). Ces deux sous-espèces auraient divergé il y a 2,2 millions d'années lors de la création des îles de Sainte-Lucie et de la Grenade, où les roches les plus anciennes datent du Miocène et appartiennent à l'arc volcanique intermédiaire (Bouysse and Garrabé 1984; Germa 2008).



Figure 17 Mâles adultes reproducteurs *I. iguana sanctaluciae* et *I. rhinolopha*. L'iguane endémique de Sainte-Lucie (*I. iguana sanctaluciae*) (A) est clairement différent de l'iguane d'Amérique centrale (*I. rhinolopha*) (B) par la taille, la proportion du corps, la couleur du corps, la taille et la forme des cornes, la coloration des yeux, l'écaillage des bajoues, et la taille, la couleur et la forme des fanons.

L'analyse génétique, basée sur des marqueurs microsatellites et mitochondriaux, corrobore ces résultats et montre également que la sous-espèce *I. insularis sanctaluciae* doit faire face à des hybridations multiples avec les iguanes introduits invasifs. Parmi les iguanes introduits, nous avons distingué deux origines possibles avec des individus *I. rhinolopha* provenant d'Amérique centrale et des individus *I. iguana* provenant de Guyane Française (Figure 16).

Sur la base de ces résultats, *Iguana iguana sanctaluciae* devrait être classée en danger car son aire de distribution ne couvre que 30km² et reste confinée dans un seul endroit (Nord-Est de Sainte-Lucie) (figure 15). De plus, au sein de cette aire de distribution, un déclin continu est observé et prévu car la qualité de l'habitat risque d'être affectée par exemple par des développements touristiques, de l'extraction de sable, du pâturage et d'autres menaces bien documentées (Daltry 2009).

Discussion

La distribution et la taxonomie des iguanes dans les Petites Antilles a été à maintes reprises contrariée par le déplacement accidentel et délibéré d'iguanes indigènes et d'iguanes exotiques envahissants entre les îles, et par l'hybridation entre les membres du genre *Iguana*. Dans ce contexte, nos travaux ont contribué à caractériser les différentes menaces pesant sur les populations d'iguanes de certaines îles des Petites Antilles. Au-delà des pressions exercées sur le biotope, nos travaux ont confirmé ou mis en évidence, selon les populations/îles étudiées, des hybridations génétiques avec des individus allochtones et une faible diversité génétique chez les individus autochtones. De plus, nos travaux ont permis la caractérisation morphologique et génétique de nouvelles espèces et sous-espèces. En effet, nous avons décrit deux nouvelles espèces d'iguanes au sein des Petites Antilles *I. insularis* (Sainte Lucie (*I. insularis sanctaluciae*) et Les Grenadines (*I. insularis insularis*)) et *I. melanoderma* (Saba et Monsterrat). La définition de ces nouvelles espèces est indispensable à l'adoption d'un statut de conservation et la mise en place de mesures adaptés spécifiques à chaque iguane endémique. Ceci représente une avancée importante car, avant ces travaux, seule deux espèces d'iguanes étaient reconnues dans toutes les Petites Antilles et dans le continent (*i.e.* *I. iguana* et *I. delicatissima*) (Figure 18).

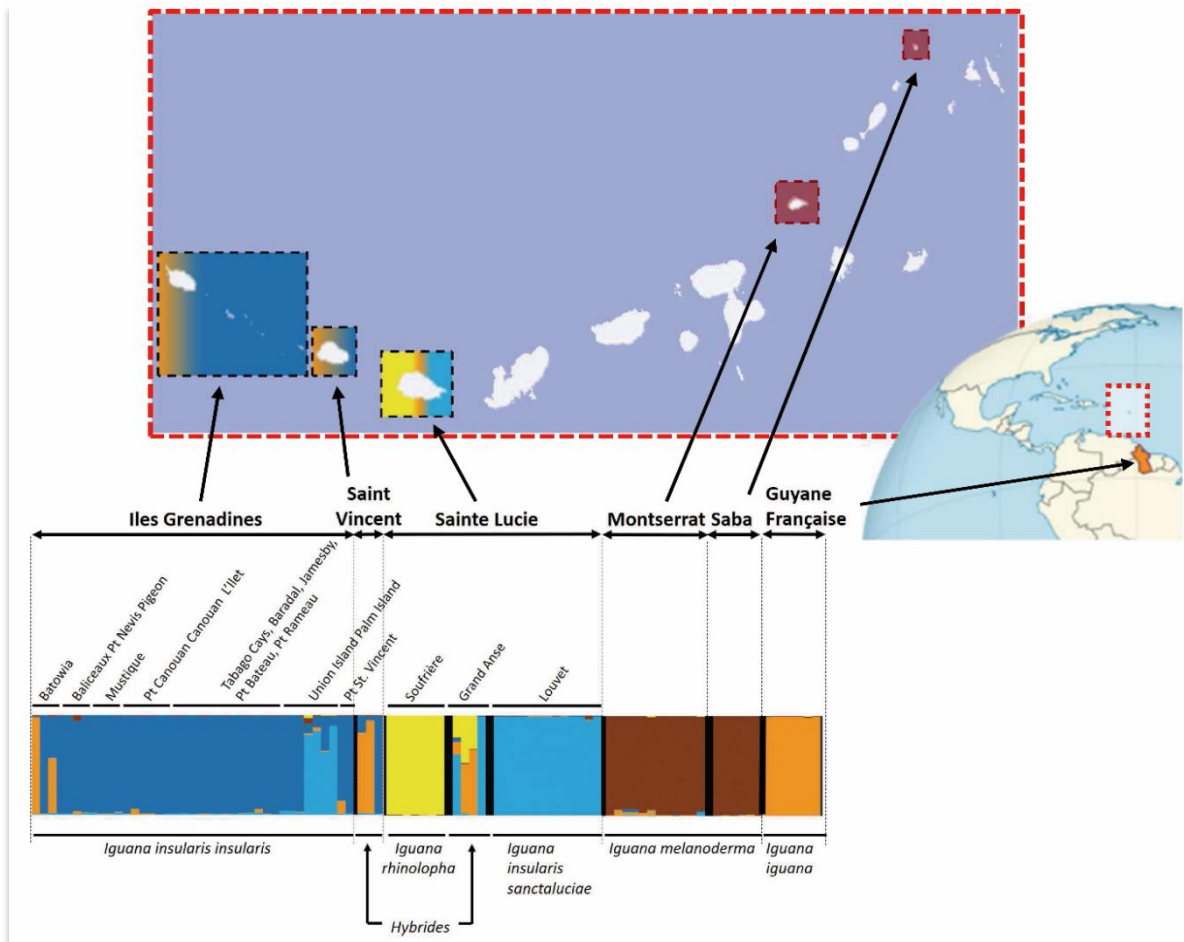


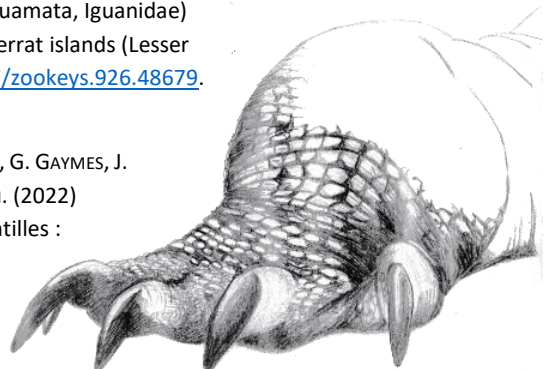
Figure 18 Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les K=5 groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 répliques indépendants pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cette figure est modifiée de Breuil et al 2022. Cet histogramme a été produit en utilisant le programme DISTRUCT (Rosenberg 2004).

Publications associées :

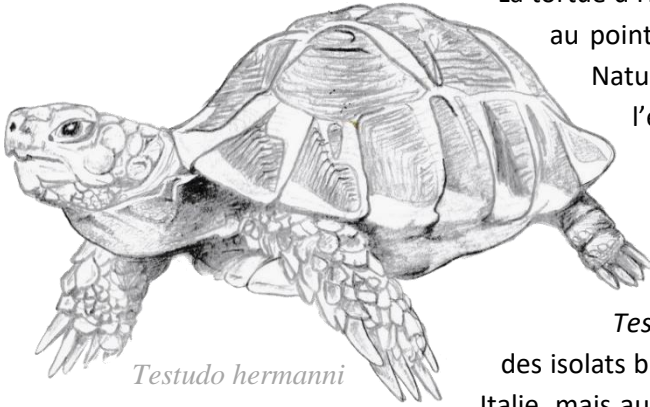
M. BREUIL, B VUILLAUME, D. SCHIKORSKI, U. KRAUSS, M. N. MORTON, P. HAYNES, J. C. DALTRY, E. CORRY, G. GAYMES, J. GAYMES, **N. BECH**, M. JELIC, F. GRANDJEAN (2019) A story of nasal horns : two new subspecies of *Iguana* Laurenti, 1768 (Squamata, Iguanidae) in Saint Lucia, Saint Vincent & the Grenadines, and Grenada (Southern Lesser Antilles) and its implications for the taxonomy of the genus *Iguana*. *Zootaxa* 4608 (2) : 201-232. DOI : <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4608.2.1> ; [biorxiv](https://doi.org/10.1101/2019.08.28.274879). IF= 0.95

M. BREUIL, D. SCHIKORSKI, B. VUILLAUME, U. KRAUSS, M. N. MORTON, E. CORRY, **N. BECH**, M. JELIC, F. GRANDJEAN (2020) Painted black : *Iguana melanoderma* (Reptilia, Squamata, Iguanidae) a new melanistic endemic species from Saba and Montserrat islands (Lesser Antilles). *Zookeys* 926 : 95-131. <https://doi.org/10.3897/zookeys.926.48679>. IF=1.143.

M. BREUIL, D. SCHIKORSKI, B VUILLAUME, U. KRAUSS, J. C. DALTRY, G. GAYMES, J. GAYMES, O. LEPAIS, **N. BECH**, M. JELIC, T. BECKING, F. GRANDJEAN. (2022) *Iguana insularis* (Iguanidae) from the southern Lesser Antilles : An endemic lineage endangered by hybridization. *Zookeys* 1086 : 137-161. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1086.76079>. IF=1.54.





e. La tortue d'Hermann dans le VarContexte*Testudo hermanni*

La tortue d'Hermann (*Testudo hermanni*) a vu ses effectifs se réduire au point que l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (IUCN) la considère comme « Quasi menacée » à l'échelle Européenne (IUCN 2004) où l'on retrouve deux sous-espèces identifiées sur la base de critères phénotypiques et génétiques (Wermuth 1952; Fritz et al. 2006) : *Testudo hermanni hermanni* (Gmelin, 1798) et *Testudo hermanni boettgeri*. En Europe occidentale, *Testudo hermanni hermanni* dont les populations forment des isolats bio-géographiques dispersés en Espagne, en France et en Italie, mais aussi sur les îles méditerranéennes (Minorque, Majorque, Corse, Sardaigne et Sicile). En Espagne, la population présente au niveau du delta de l'Ebre est le fruit d'une introduction volontaire de tortues sauvages afin de créer un stock démographique en vue de nouvelles translocations et/ou réintroductions (Bertolero et al. 1995). Les limites d'aire de répartition de *Testudo hermanni hermanni* ne se chevauchent pas avec celles de *Testudo hermanni boettgeri* qui se répartie du Nord de l'Italie jusqu'au détroit de Bosphore. La rivière Pô, au Nord-Est de l'Italie, joue un rôle de barrière géomorphologique entre les deux sous-espèces alors allopatriques (Cheylan 2001).

Basés sur des marqueurs moléculaires microsatellites et avec un indice de différenciation génétique $F_{st} = 0.622^*$, nos résultats ont corroboré la distinction entre les deux sous-espèces *T. h. hermanni* et *T. h. boettgeri* (Bech et al. 2022).

Au cœur de son aire de répartition, *T.h.boettgeri* possède un habitat homogène et continu qui semble favoriser une connectivité entre les noyaux de populations et donc moins de risque de déclin en terme de nombre d'individus et de diversité génétique. A l'inverse, la fragmentation grandissante de l'habitat de *T.h.hermannii* réduit de plus en plus la connectivité entre les noyaux de populations qui sont d'autant plus menacés que leurs effectifs sont faibles (McDougal 2000). Comme attendu en France sur le pourtour méditerranéen, cette fragmentation est essentiellement due à une urbanisation grandissante au cours des 30 dernières années mais également à une déprise agropastorale couplée à la mécanisation et l'extension des zones cultivées (notamment viticoles) entraînant la fermeture des milieux favorables à la tortue. D'un point de vue démographique, les régions méditerranéennes sont également souvent touchées par des incendies qui sont connus pour créer de lourdes pertes chez les jeunes et les adultes tortues. En effet, la mortalité par incendie peut atteindre 50 à 85% des adultes en France (Cheylan 1984). Ainsi, en France, les derniers bastions isolés de *T.h.hermannii* sont menacés et le noyau du Var (83) est même classé « En danger d'extinction » par l'IUCN (1996). Au-delà de la fragmentation et de la perte de son

habitat, *T.h.hermannii* doit également faire face au commerce et à la détention, bien qu'interdits, d'individus prélevés dans la nature pour la vente et le loisir de l'Homme. Plus que le prélèvement, l'élevage, à des fins de commerce, pose des problèmes d'hybridation. En effet, chez les tortues d'Hermann, les éleveurs élèvent et vendent leurs tortues sous l'appellation « Tortue d'Hermann » sans distinction des deux sous-espèces. Les deux sous-espèces sont alors mélangées et des individus sont ensuite relâchés dans la nature, volontairement ou non, posant un problème d'hybridation et donc d'identité génétique pour les tortues autochtones. Des individus hybrides ont d'ailleurs déjà été mis en évidence dans le Var (Guyot and Pritchard 1999 ; Perez et al. 2014; Zenboudji et al. 2016). Cependant, dans ces études, les auteurs semblaient s'accorder à dire qu'un échantillonnage plus conséquent était nécessaire afin d'affiner les estimations concernant les taux d'introgression génétiques.

L'étude des populations de tortues d'Herman dans le Var

Dans le cadre de notre étude (Bech et al. 2022), nous avons échantillonné 708 tortues :

- 565 tortues sauvages prélevées dans le département du Var (83),
- 22 individus élevés en captivité provenant de 12 fermes/propriétaires privés.
- et 121 individus sauvages prélevées en Macédoine du Nord.

L'échantillonnage a été réalisé sans aucune discrimination phénotypique et consistait en un prélèvement de sang au niveau du plexus cervical dorsal supra-carapacial (Bonnet et al. 2016a, b). Les coordonnées GPS de chaque individu ont été relevées.

Cet échantillonnage nous a permis d'étudier la diversité et structuration génétique des tortues d'Hermann dans le Var (*T.h.hermannii*) mais aussi d'obtenir la signature génétique des tortues de Macédoine (*T.h.boettgeri*) afin d'estimer l'hybridation entre les deux sous-espèces dans le Var.

Notre méthodologie, combinant modélisations et statistiques, nous a permis de mettre en évidence la présence de 103 individus hybrides et 1 individu *T.h.boettgeri* présents parmi les 565 tortues prélevées en nature dans le Var (soit un taux d'introgression estimé à 18,2%) (Figure 19). Il s'agit d'un niveau d'hybridation relativement élevé par rapport aux études précédentes qui identifiaient dans le Var : 1,7% d'hybrides (2 sur 120 échantillons) dans l'étude de Perez et al. (2014) ou 6,2% (5 sur 81) dans l'étude de Zenboudji et al. (2016). Les individus hybrides ont été associés à la classe F1 (n=10) et au-delà (i.e. >F2) (n= 93). Le fait qu'un seul individu *T.h.boettgeri* ait déjà été identifié suggère que l'introgression se fait principalement à partir d'individus hybrides. Par conséquent, l'introgression génétique de gènes allochtones représente une forme d'invasion cryptique (les hybrides ne sont pas morphologiquement identifiables).

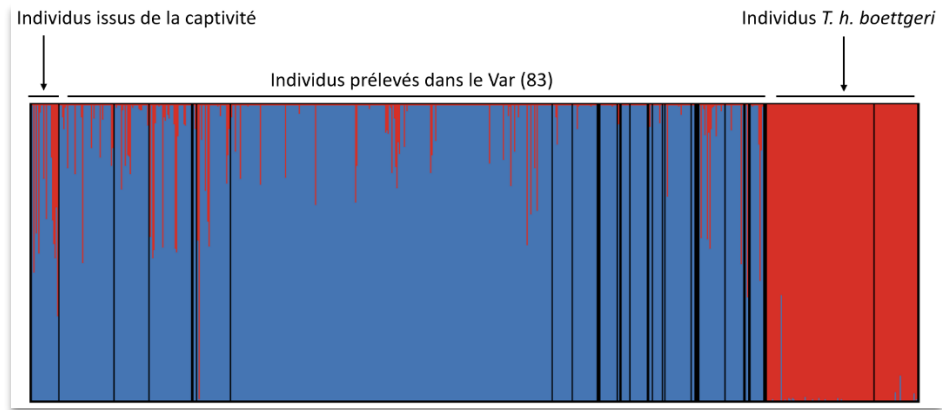


Figure 19 Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque individu analysé dans les $K=2$ groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 réplicas indépendants pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cet histogramme a été produit en utilisant le programme DISTRUCT (Rosenberg 2004).

Les hybrides identifiés résulteraient potentiellement de lâchers massifs (*i.e.* >4300 individus) réalisés dans les années 1990 par le [SOPTOM](#) (*i.e.* Station d'Observation et de Protection des Tortues et de leurs Milieux) pour renforcer les populations varoises en déclin (Devaux 1990). Or, compte tenu de la forte proportion d'individus hybrides retrouvés parmi les individus élevés en captivité ($\sim 59\%$), ces lâchers incluaient très probablement des hybrides non identifiés. Ainsi, compte tenu de l'âge à la maturité des tortues d'Herman (*i.e.* 8-12 ans) (Bertolero et al. 2011), les hybrides retrouvés aujourd'hui seraient les descendants plus ou moins directs de ces lâchers (Figure 20).

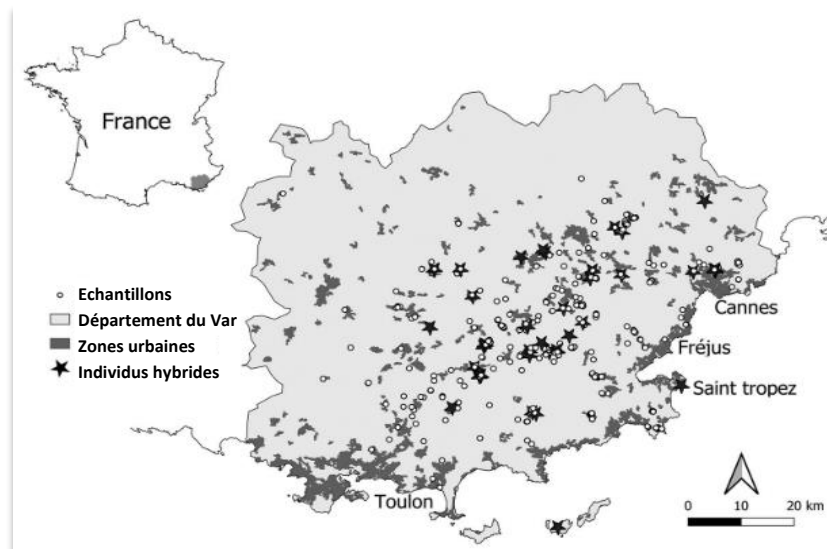


Figure 20 Localisation géographique des individus échantillonnés et des zones urbaines du département du Var (les principales villes sont indiquées sur la carte). Les hybrides, déduits à partir de notre étude, sont représentés par des étoiles noires.

Cependant, les lâchers effectués dans les années 1990 étaient localisés dans des zones spécifiques, et bien que les tortues puissent parcourir de longues distances, la répartition dispersée des hybrides sur l'ensemble de la zone d'étude suggère qu'il

existe d'autres sources favorisant l'hybridation entre les deux sous-espèces (Figure 20).

En effet, selon (Celse et al. 2017), les tortues domestiques qui s'échappent des jardins ou sont intentionnellement relâchées dans la nature représentent une autre source importante d'apport d'hybrides ou d'individus allochtones dans l'environnement. Les propriétaires de tortues utilisent leur intuition pour sélectionner des sites appropriés et finissent par relâcher les tortues sur l'ensemble de la distribution, créant ainsi de multiples noyaux d'hybridation dispersés. Par exemple, nous avons détecté 47 % et 41 % d'hybrides dans deux zones d'habitat appropriées dans le département du Var où les lâchers illégaux par les propriétaires d'animaux de compagnie sont fréquents (communication personnelle de Sebastien Caron). Ainsi, les tortues en captivité (estimées à plusieurs milliers dans le Var) représentent un réservoir majeur d'hybrides de tortues d'Hermann qui ont probablement contaminé les populations de tortues d'Hermann sauvages pendant des décennies. En raison de la longévité de la tortue d'Hermann (environ 50 ans), un impact à long terme et une introgression généralisée sont attendus (Allendorf et al. 2001). Dans ce contexte, les efforts de conservation devraient se concentrer sur le maintien de l'entité génétique des populations de tortues d'Hermann dans le Var.

Mesures de conservation

Compte tenu du taux d'introgression génétique des populations de tortues d'Hermann dans le Var, le retrait des individus appartenant à une autre espèce ou sous-espèce que *T. t. hermanni* semble important pour amorcer une désintrogression génétique des populations locales mais également pour limiter la propagation d'agents pathogènes portés par les tortues issues en particulier de la captivité (Ballouard et al. 2022). Cependant, même si de tels individus sont parfois retirés du terrain pour être placés dans des centres de sauvetage, la distinction entre tortues autochtone et allochtone n'est pas facile à mettre en œuvre directement sur le terrain et requiert une analyse détaillée (*i.e.* morphologique + génétique).

En termes de conservation, il est aussi important de prendre en compte le fait qu'en France, il est probable qu'il y ait un plus grand nombre de tortues de compagnie que de tortues vivant en liberté (Celse et al. 2017), et la popularité des tortues de compagnie signifie que cette situation ne devrait pas changer (Ballouard et al. 2020). Il semble donc impératif de renforcer les campagnes de sensibilisation pour susciter la préoccupation et la vigilance des propriétaires de tortues (Celse et al. 2017). Ainsi, il faudrait encourager les propriétaires à ne pas reproduire et relâcher les tortues. La plupart des gens ne sont pas conscients du fait que la reproduction des tortues en captivité et la libération d'individus dans la nature peuvent menacer les populations sauvages (Segura et al. 2020). Des campagnes d'informations locales à l'attention des propriétaires d'animaux de compagnie pourraient être très efficaces pour éviter la libération illégale de tortues domestiques. La Convention sur le commerce international des espèces de faune et de flore sauvages menacées d'extinction (CITES) ne cible pas les propriétaires d'animaux de compagnie et semble inefficace pour prévenir la surexploitation des reptiles vivants et mettre fin au commerce illégal

(Auliya et al. 2016). Des informations concernant les problèmes écologiques devraient être clairement affichées en magasin pour informer les clients. À terme, la vente et le don de tortues d'Hermann devraient être interdits.

Par ailleurs, les propriétaires d'animaux de compagnie abandonnent environ 1500 tortues d'Hermann chaque année en France (Celse et al. 2017). Les tortues abandonnées et secourues peuvent, après des évaluations sanitaires et génétiques, aider à restaurer les populations gravement touchées par les incendies (Lecq et al. 2014 ; Pille et al. 2018) ou réapprovisionner les zones du sud de la France d'où la tortue d'Hermann a disparu (Celse et al. 2017). Aussi, ces centres de sauvetage contribuent à maintenir un réservoir de populations pures de tortues sauvages. Au-delà de mesures permettant la prise de conscience des propriétaires de tortues, un soutien financier de l'État est nécessaire de toute urgence pour augmenter la taille des enclos des centres de sauvetage qui récupèrent les tortues sur le terrain

Publications associées :

J.M. BALLOUARD, S. CARON, R. GAYRAUD, F. ROZEC, A. BESNARD, **N. BECH**, X. BONNET (2019). Relative and absolute detection of hermann' tortoise by dogs before land management. *Biodiversity and conservation* 28 (14) : 4027-4045. DOI : <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01863-z>. IF=3.14

N. BECH, D. NIVELLE*, S. CARON, JM BALLOUARD, V. ARNAL, D. ARSOVSKI, A. Golubović, X. BONNET, C. MONTGELARD (2022) Extent of introgressive hybridization in the Hermann's tortoise (*Testudo hermanni hermanni*) from the south of France. *European Journal of Wildlife Research*, 68 :37. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01585-8> IF=1.93.



f. Le cas des tricots rayés et des murènes à lèvres tachetées du lagon Sud de Nouvelle Calédonie



Gymnothorax chilospilus

La génétique étant devenue un outil couramment utilisé en biologie de la conservation, les populations étudiées montrent souvent des signes de fragilité en termes de fonctionnement, de diversité génétique, de résilience ou de pérennité. Cependant, toutes les populations faisant l'objet d'études génétiques ne montrent pas forcément des signes pessimistes quant à leur dynamique. C'est notamment le cas des populations de tricots rayés (*Laticauda saintgironsi*) et de murènes à lèvres tachetées (*Gymnothorax chilospilus*) que j'ai eu l'occasion d'étudier dans le lagon Sud de Nouvelle Calédonie (Figure 21).

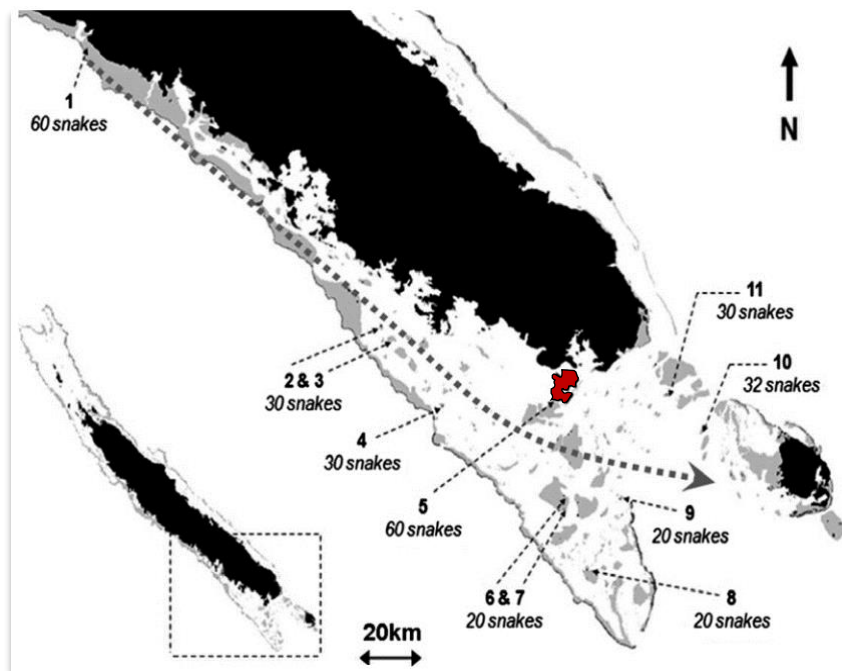


Figure 21 Carte du lagon sud de la Nouvelle Calédonie avec les 11 îlots visités et le nombre de tricots rayés (*Laticauda saintgironsi*) collectés pour les analyses génétiques. (1) Ile Verte, (2) Signal, (3) Laregnere, (4) Amedee, (5) Ile Ouen, (6) Uaterembi, (7) Ua, (8) N'da, (9) N'do, (10) N'die, (11) Amere. En rouge, l'île d'Ouen la nurserie commune suggérée par (Bonnet et al. 2014) et reprise dans l'explication de nos résultats. Les zones terrestres sont représentées en noir, les récifs coralliens en gris clair et la limite du lagon en gris foncé. En italique, la taille de l'échantillon pour chaque îlot ou groupe d'îlots. La flèche en pointillé indique l'axe géographique le long duquel les populations sont réparties, populations que nous avons utilisé pour plusieurs analyses. La flèche représente également un segment de la voie de colonisation suivie par les tricots rayés de mer au cours du Quaternaire.

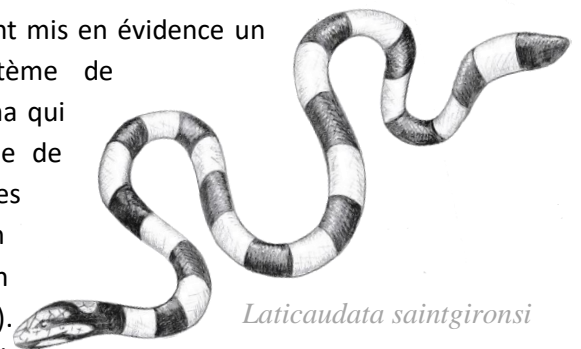
- La figure ne précise pas ici le nombre de murènes à lèvres tachetées prélevées mais les sites d'échantillonnage sont les mêmes dans la mesure où les murènes ont été obtenues après régurgitation des tricots rayés, leur principal prédateur.

Basés sur des marqueurs moléculaires microsatellites et sur un suivi des populations directement sur le terrain, les résultats des études menées sur les tricots rayés (*Laticaudata saintgironsi*) et les murènes à lèvres tachetées (*Gymnothorax chilospilus*) (proies des tricots rayés) du lagon Sud de Nouvelle Calédonie ont révélé une absence de structure génétique caractérisée par des indices de F_{st} non significatifs sur ces deux espèces (Bech et al. 2016 ; Ribout et al. 2018).

Pour les tricots rayés :
 F_{st} moyens = 0.0029, non significatif (Pvalue > 0.001 après correction de Bonferroni) et IBD : $r^2 = 0.001$, Mantel test, $P = 0.987$.

Pour les murènes à lèvres tachetées :
 F_{st} moyens = 0.036, non significatif (Pvalue > 0.008 après correction de Bonferroni).

Cependant, chez les tricots rayés les résultats ont également mis en évidence un gradient phénotypique (taille des individus). Un système de reproduction particulier semble être à la base de ce schéma qui combine un fort gradient phénotypique avec un manque de structure génétique géographique. En effet, les femelles gravides provenant de colonies dispersées dans tout le lagon Sud convergent vers quelques sites communs de nidification côtiers pour pondre leurs œufs (Figure 21) (Bonnet et al. 2014).



Laticaudata saintgironsi

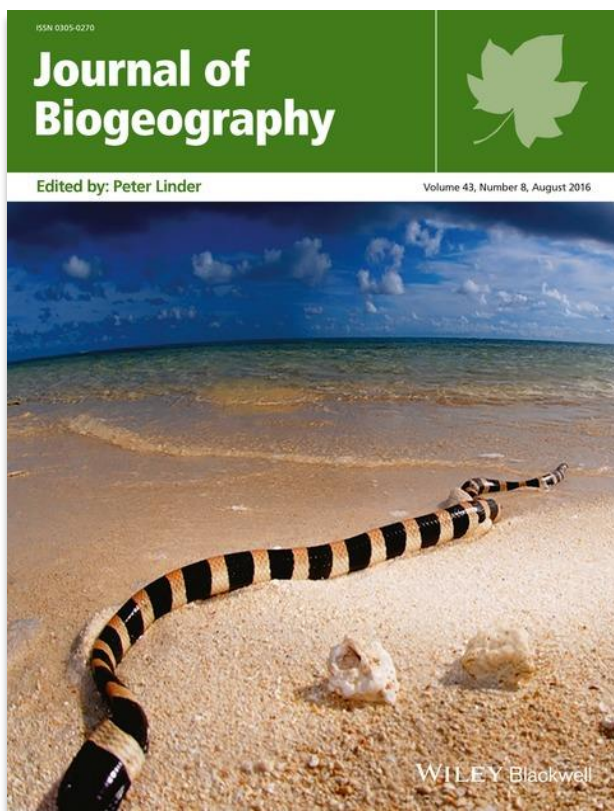
Les nouveau-nés se dispersent alors aléatoirement dans le lagon et approvisionnent les îlots en jeunes individus. Ce processus homogénéiserait alors la structure génétique globale. Cependant, étant donné que les serpents installés sont philopatrics, la taille corporelle moyenne de chaque colonie reflète probablement l'influence des conditions locales. Ce système ressemble à ceux documentés chez divers organismes (par exemple, les poissons). De plus, les résultats suggèrent également que la population de tricots rayés du lagon Sud de Nouvelle Calédonie a connu une augmentation significative de sa taille efficace vraisemblablement au cours du Pléistocène moyen, une période caractérisée par des oscillations climatiques périodiques qui ont fortement influencé la répartition géographique et l'histoire démographique de nombreux organismes, y compris les serpents (Karns et al. 2000). Ces résultats sont en accord avec ceux rapportés par Lane & Shine (Lane and Shine 2011) : les fluctuations climatiques quaternaires ont influencé l'épisode de colonisation de la sous-famille des serpents de mer Laticaudine, ce qui explique, dans le Pacifique Sud, les schémas actuels de diversité génétique. En effet, Lane & Shine (2011) ont précédemment suggéré que *L. frontalis*, espèce endémique des îles Vanuatu, est issue d'une petite population fondatrice de *L. saintgironsi* grâce à un épisode de colonisation survenu pendant le Dernier Maximum Glaciaire. En effet, *L. saintgironsi*, qui présente des habitudes terrestres marquées, aurait pu profiter du faible niveau de la mer avec de nombreuses terres émergées pour trouver une voie de colonisation vers les Vanuatu (Lane and Shine 2011). Pour les tricots rayés du lagon Sud de Nouvelle Calédonie, la diversité génétique globale actuelle et élevée, combinée à l'absence de structure génétique, suggère qu'une importante croissance de la population a suivi l'épisode de colonisation et a limité la perte de diversité génétique

en réduisant l'effet fondateur et la dérive génétique (Nei et al. 1975). De plus, l'existence de nurseries communes offre un mécanisme possible pour entretenir la diversité et l'homogénéité génétique globale.

Publications associées :

N. BECH, T. FOUART*, T. FAUVEL, F. BRISCHOUX, D. BOUCHON, X. BONNET. (2016) Phenotypic variation contrasts with genetic homogeneity across scattered sea snake colonies. *Journal of Biogeography*. 43(8) : 1573-1582. doi.org/10.1111/jbi.12735 IF=3.99

C. RIBOUT, N. BECH, M.J. BRIAND, D. GUYONNET, Y. LETOURNEUR, F. BRISCHOUX, X. BONNET (2018) A lack of spatial genetic structure of *Gymnothorax chilospilus* (moray eel) suggests peculiar population functioning. *Biological Journal of the Linnean Society* 125 : 142-151 [doi : 10.1093/biolinnean/bly107](https://doi.org/10.1093/biolinnean/bly107). IF= 2.23



On the cover : L'image de couverture d'un tricot rayé prise par Xavier Bonnet sur la plage de l'îlot Améré

- Article original "Phenotypic variation contrasts with genetic homogeneity across scattered sea snake colonies" by Nicolas Bech *et al.*, DOI : [10.1111/jbi.12735](https://doi.org/10.1111/jbi.12735).



4. La génétique pour étudier les espèces à enjeux de contrôle

a. Le parasite *Schistosoma mansoni*

La schistosomiase représente l'une des infections parasitaires (helminthiques) les plus répandues dans le monde. En effet, à l'échelle mondiale, plus de 207 millions de personnes sont infectées et plus de 600 millions de personnes sont exposées au risque d'infection (Herricks et al. 2017). Ces parasites ont un cycle de vie complexe avec des hôtes intermédiaires constitués de mollusques d'eau douce et des hôtes définitifs vertébrés (Figure 22).

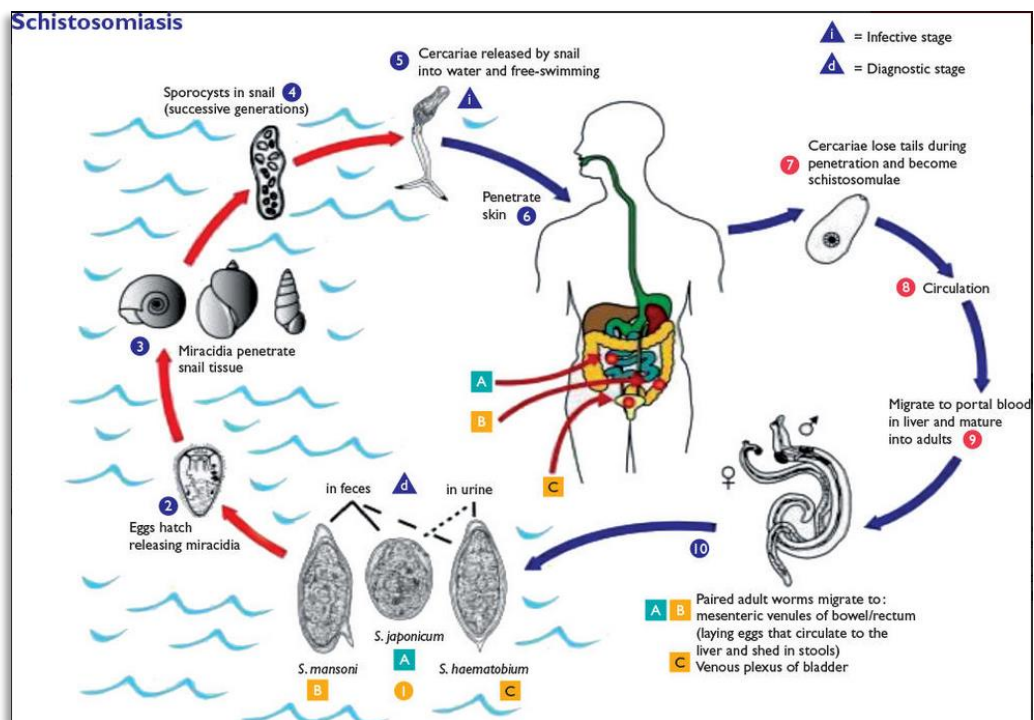


Figure 22 Cycles de vie de différents *Schistosoma* induisant des pathologies humaines. (1) Les œufs sont éliminés avec les matières fécales (pour *S. mansoni*) ou l'urine (pour *S. haematobium*). (2) Les œufs éclosent une fois dans une eau douce à température au dessus de 20°C en larve appelée miracidium, qui nage et pénètre dans des mollusques hôtes intermédiaires spécifiques (3). Dans le mollusque se réalise la multiplication asexuée du parasite qui lui permet de se multiplier (4) en milliers de cercaires clonales, deuxième stade larvaire du parasite (5). Une fois libérés du mollusque, les cercaires nagent et (6) pénètrent par la peau dans leur hôte définitif humain (ou autres Vertébrés selon l'espèce du parasite), devenant des schistosomules (7). Ces schistosomules migrent (8-9) à travers plusieurs tissus jusqu'au lieu de rencontre des partenaires (mâles et femelles) de la reproduction : le foie. (10) C'est dans l'hôte définitif qu'a lieu la phase de reproduction sexuée du parasite. Les vers adultes chez l'Homme résident dans les veinules mésentériques, à divers endroits selon l'espèce, pour y pondre leurs œufs. Par exemple, les vers adultes en couple de *S. mansoni* vont pondre leurs œufs dans les veines mésentériques supérieures drainant le gros intestin. Chez *S. haematobium* c'est dans le plexus veineux de la vessie que l'on retrouve les couples et leurs sites de ponte. Même si des variations morphologiques existent entre les espèces, en général les femelles sont plus fines que les mâles et sont enchâssées dans le canal gynéchoptère de leur mâle qui assure leur nutrition et leur transport dans le système veineux vers les sites de ponte. Les œufs de *S. mansoni* sont éliminés avec les fèces de leur hôte, ceux de *S. haematobium* par l'urine. Le contact humain avec l'eau est donc nécessaire pour l'infection par les schistosomes. Divers animaux, tels que buffles d'eau, vaches, chiens, chats, rongeurs, cochons, chevaux et chèvres, servent de réservoirs pour certains *Schistosoma* humain mais aussi d'autres espèces de *Schistosoma* n'infectant pas l'Homme. Figure extraite et légende modifiée à partir de l'adresse <https://www.cdc.gov/parasites/schistosomiasis/biology.html>.

Comme d'autres trématodes, les schistosomes se caractérisent par une certaine spécificité envers leurs hôtes intermédiaires, les mollusques. Cependant, le spectre des hôtes définitifs des 26 espèces de *Schistosoma* varie considérablement en fonction de l'espèce concernée. A titre d'exemple, chez le parasite *Schistosoma mansoni*, 51 espèces d'hôtes définitifs ont pu être recensées (Kebede et al. 2020). Parmi ceux-ci, on retrouve de nombreuses espèces de rongeurs et de primates qui contribuent à entretenir les cycles parasitaires dans la nature et à agir comme des hôtes réservoirs¹. En effet, des études expérimentales ont montré que les primates non humains pouvaient entretenir le cycle parasitaire de *S. mansoni* et favoriser la transmission de la schistosomiase (Stirewalt et al. 1951; Martins 1958; Sadun et al. 1966). De concert avec ces résultats, des approches de terrain ont montré que les primates non humains (e.g. Chimpanzés, Babouins, grivets, patas) pouvaient être naturellement infectés par *S. mansoni* (Kebede et al. 2020). Cela est principalement dû à l'augmentation de la population humaine combinée aux changements paysagers d'origine anthropique qui contribuent à favoriser les contacts entre les humains et des primates non humains dans les zones de parcs nationaux et de réserves forestières. Ainsi, à titre d'exemple, en Tanzanie, dans le parc national des montagnes de Mahale et le parc national de Gombe Stream, des transferts de parasites humains vers d'autres vertébrés ont été enregistrés (Standley et al. 2012).

Des outils de génétique des populations sont nécessaires pour identifier avec précision l'espèce du parasite et décrire les flux génétiques des parasites dans un système parasitaire à plusieurs hôtes. Cela a été illustré pour *S. japonicum* dans les villages de la province d'Anhui en Chine (Biek and Real 2010), où différentes lignées de parasites ont été identifiées entre les buffles d'eau ou les hôtes humains et les chèvres, les porcs, les chiens ou les chats (Wang et al. 2006). De même, une proximité génétique étroite a été observée entre les parasites prélevés sur les chiens et les humains aux Philippines (Rudge et al. 2008), signe de partage d'une zone aquatique commune où vit l'hôte intermédiaire d'où sortent les larves cercaires infestantes du parasite pour les chiens et les humains.

Rôle des primates non humains en tant qu'hôtes réservoirs pour la schistosomiase humaine en Éthiopie

En Éthiopie, 30 millions de personnes sont exposées au risque d'infection, tandis que 4 millions sont déjà infectées par *S. mansoni* ou *S. haematobium* (Chitsulo et al. 2000). Bien que des infections naturelles par *S. mansoni* aient été signalées chez les primates non humains en Éthiopie, le rôle de ces infestations dans la transmission aux humains n'a jamais été précisé. Dans cette étude, nous avons examiné la diversité et la structure génétique de la population de *S. mansoni* chez les humains et les primates non humains dans trois localités afin de décrire la dynamique de transmission de *S. mansoni* entre les humains et les primates non humains (Figure 23). Les résultats ont apporté des informations cruciales pour le contrôle de la schistosomiase en Éthiopie.

¹ Un hôte réservoir désigne un individu infecté par un agent pathogène qui ne nuit pas forcément à sa santé et qui contribue à entretenir et maintenir le cycle du pathogène.

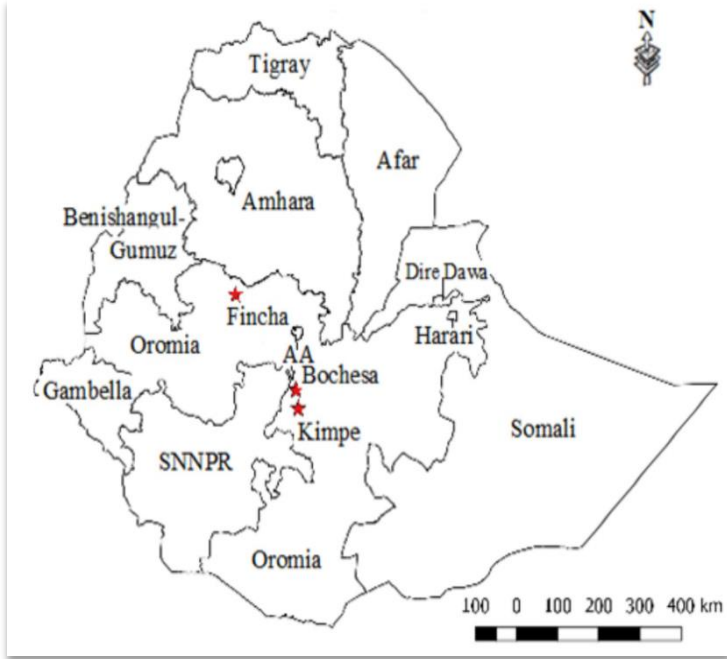


Figure 23 Carte et description des sites d'étude en Ethiopie.

- Le village de Bochesa est situé autour du lac Ziway, à environ 160 km au sud d'Addis-Abeba. Les habitants du village utilisent l'eau du lac pour l'irrigation, la pêche et d'autres activités domestiques. De nombreux singes vervets évoluent dans cet environnement et partagent la source d'eau avec les humains.
- Kimpe est situé à 235 km au sud d'Addis-Abeba sur la rive est du lac Langano. Situées à proximité, les zones de réserve forestière de Bishan Gari et de Burka Dita abritent deux troupes de babouins évoluant et se déplaçant librement dans les habitats péri-domestiques des humains.
- Le site de Fincha est situé dans la plantation de canne à sucre de la vallée de la rivière Fincha, à environ 350 km à l'ouest d'Addis-Abeba. Le système d'irrigation de la région crée des conditions favorables à la transmission de la schistosomiase (Dufera et al. 2014). On enregistre également sur le site des vervets et des babouins en liberté vivant dans la forêt entourant la plantation de canne à sucre.

Nous avons échantillonné 104 hôtes différents (*i.e.* provenant de 60 humains et 44 primates non humains), totalisant 2 354 miracidia de *S. mansoni* (Tableau 1), avec une moyenne de 22,7 (SD+ 8,4) larves par hôte. Toutes les larves ont été génotypées avec succès et analysées à l'aide de 14 loci microsatellites.

	Humains	Vervets	Babouins	Total
Bochesa	22 (619)	13 (254)	-	35 (873)
Kimpe	18 (424)	-	26 (599)	44 (1023)
Fincha	20 (381)	-	5 (77)	25 (458)
Total	60 (1424)	13 (254)	31 (676)	104 (2354)

Tableau 1 : Nombre d'hôtes humains ou primates non humains échantillonnés par site. Les nombres entre parenthèses représentent le nombre total de miracidia de *Schistosoma mansoni* récupérés dans les fèces des hôtes.

Nos résultats ont révélé, entre autres, une grande diversité génétique de *S. mansoni* chez ses hôtes humains masculins, une diversité moyenne chez les hôtes humains féminins et une faible diversité chez ses hôtes primates non humains (NHP). Les hypothèses avancées pour expliquer ces différences de diversité génétique invoquent (i) les comportements liés à la fréquence de contact avec l'eau (où se trouve l'hôte intermédiaire du parasite), (ii) la défense immunitaire de l'hôte et (iii) les interactions entre hôtes humains et NHP (taux de partage d'une zone aquatique commune). En effet, l'immunité concomitante protectrice, qui est plus efficace chez l'hôte contre les larves auxquelles l'hôte a déjà été exposé, peut conduire à une augmentation de la diversité génétique des infra-populations de parasites à mesure que l'hôte est exposé à de nouveaux parasites. Les différences de contact avec l'eau selon l'âge, le sexe et l'espèce des hôtes contribuent également aux variations de diversité génétique.

Sur chaque site étudié nos résultats ont également montré une faible différenciation génétique entre les parasites hébergés par les humains et les primates non humains suggérant ainsi que ces derniers pourraient servir d'hôtes réservoirs pour la dynamique d'infection de *S. mansoni* incluant l'infection d'humains (Figure 24). Dans tous les cas, ces résultats suggèrent également que les hôtes humains et non-humains partagent très probablement une zone aquatique commune d'eau douce qui héberge l'hôte intermédiaire mollusque. Ceci a des implications épidémiologiques importantes, car cela complique localement les programmes de contrôle de la schistosomiase. L'implication des animaux sauvages en liberté, comme les singes et les babouins, dans le cycle de transmission de la schistosomiase a des répercussions sur la planification des mesures de contrôle, car le traitement de ces animaux sauvages est difficile et coûteux. De plus, il semble également difficile d'empêcher aux humains l'accès à l'eau dont leurs activités essentielles dépendent.

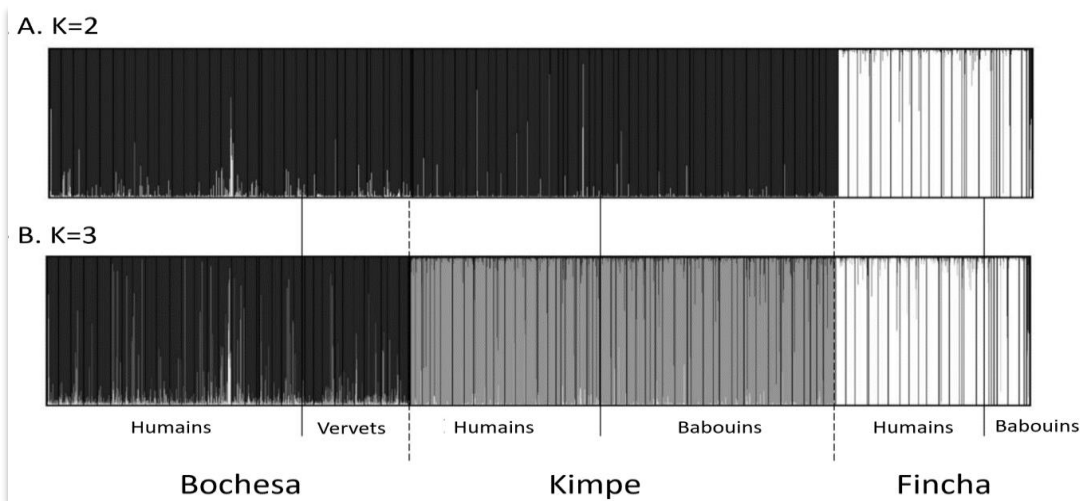


Figure 24 Histogramme montrant les taux d'assignation pour chaque miracidium analysés (2354) dans les K=2 (A) et K=3 (B) groupes génétiques déduits de l'analyse de STRUCTURE v 2.0 (Pritchard et al. 2000). Parmi les paramètres intrinsèques au logiciel STRUCTURE v 2.0, nous avons sélectionné des options autorisant le mélange des individus et des fréquences alléliques entre les groupes génétiques testés. Suivant les recommandations d'Evanno et al. (2005), nous avons réalisé 20 répliques indépendants pour chaque valeur de K groupes génétiques (avec K variant de 1 à 8) avec un nombre total de 1 000 000 itérations. Cet histogramme a été produit en utilisant le programme DISTRUCT (Rosenberg 2004).

L'hybridation et diversité génétique chez *Schistosoma haematobium* au Cameroun

La plupart des espèces de *Schistosoma* sont spécifiques à leur hôte intermédiaire et géographiquement séparées, ce qui maintient des barrières entre les espèces de parasite et évite leur rencontre. Cependant, comme évoqué précédemment, les changements paysagers couplés à la démographie humaine tendent à favoriser les contacts entre humains et biodiversité et, lorsque l'occasion se présente, des croisements entre espèces de parasites peuvent survenir chez l'hôte définitif. A titre d'exemple, *S. haematobium*, responsable de la schistosomiase urogénitale humaine, est fréquemment impliqué dans des phénomènes d'hybridation en particulier avec sa proche espèce sœur *S. bovis* normalement spécifique des hôtes définitifs bovins (Leger and Webster 2017) mais également rencontrée chez les humains. En effet, l'hybridation entre *S. haematobium* et *S. bovis* est favorisée par leur lien phylogénétique étroit mais aussi par les mollusques d'eau douce du genre *Bulinus* agissant en tant qu'hôtes intermédiaires pour ces deux espèces (Rollinson and Simpson 1987). Les conséquences biologiques, épidémiologiques et pathologiques de cette hybridation restent inconnues et nécessitent des investigations approfondies en raison du risque potentiel de transmission zoonotique.

Plusieurs études ont déjà été menées sur les hybrides *S. haematobium* × *S. bovis*. Ils ont été identifiés à partir d'échantillons d'urine prélevés chez les enfants dans plusieurs pays d'Afrique mais aussi en France (Teukeng et al. 2022). Notre étude, quant-à elle, s'est focalisée sur le Cameroun et a analysé la prévalence parasitaire chez 225 enfants (de 5 à 14 ans) répartis sur 10 sites (Figure 25). A partir des parasites collectés, nous avons étudié la structure génétique du et la dynamique de transmission des schistosomes entre les hôtes.

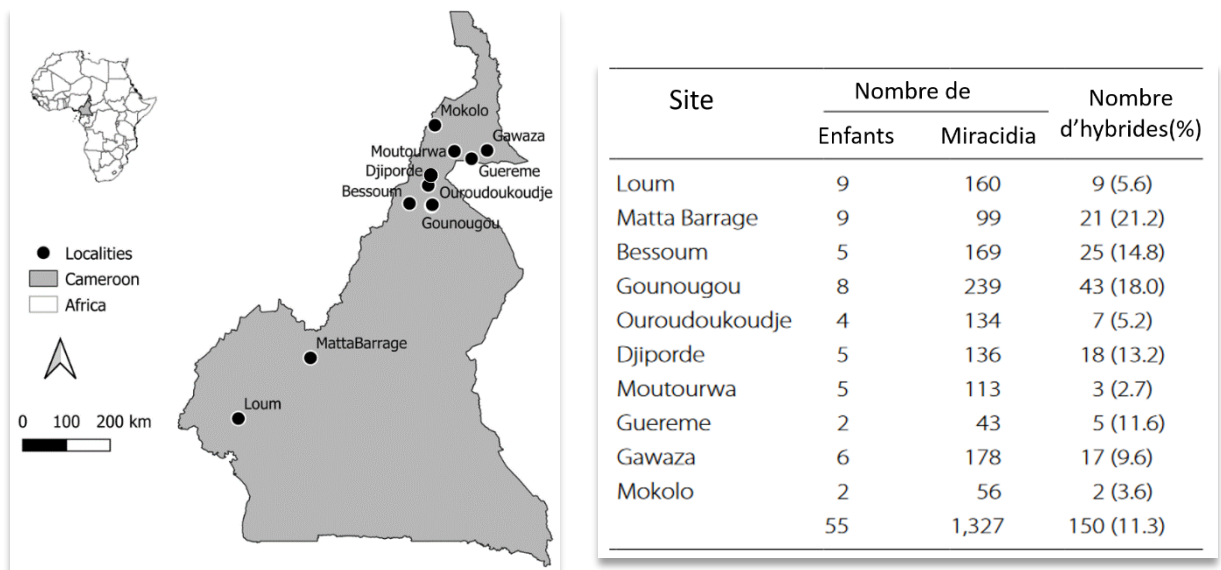


Figure 25 Carte des sites étudiés au Cameroun (à gauche) et nombre d'hybrides de schistosomes récupérés dans chaque localité échantillonnée (à droite).

Notre étude a permis d'identifier des hybrides *S. haematobium* × *S. bovis* dans les dix sites étudiés (Figure 25). De plus, les pourcentages d'hybrides retrouvés sont

significativement corrélés à la diversité génétique du parasite (mesurée par la richesse allélique et l'hétérozygotie) (Figure 26), mettant en évidence le fait que l'hybridation est un processus biologique majeur qui façonne la diversité génétique des parasites en affectant leurs traits d'histoire de vie.

*Cette étude a été menée sur un panel de X marqueurs nucléaires microsatellites amplifiant chez les deux espèces *S. haematobium* et *S. bovis* (Djuikwo-Teukeng et al. 2019).*

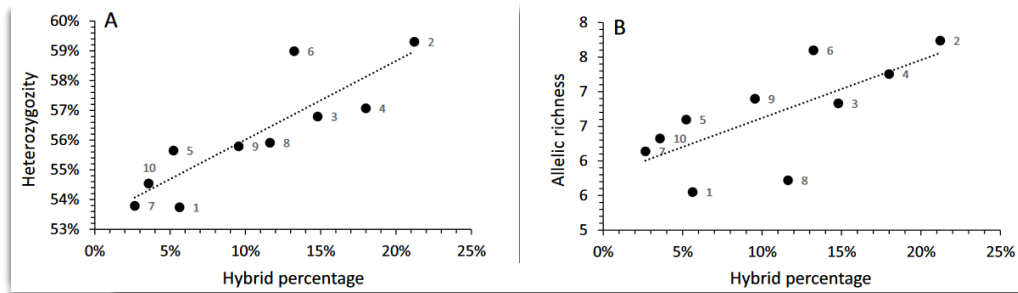


Figure 26 : Relation entre l'hétérozygotie ($r = 0.87$, $df = 9$, $P < 0.05$) (A) ou la richesse allélique ($r = 0.71$, $df = 9$, $P < 0.05$) (B) et le pourcentage d'hybrides *Schistosoma haematobium* \times *S. bovis* détecté au Cameroun. Le numéro associé aux points fait référence aux différentes populations étudiées.

Pendant le processus d'introgression, l'ajout de nouveaux allèles d'une espèce donnée (souvent minoritaire d'un point de vue génétique), ici *S. bovis*, est censé augmenter la diversité génétique de l'espèce introgressée (*S. haematobium*). Cette augmentation de la diversité génétique est également soutenue par le fait que *S. bovis* est un parasite génétiquement différent de *S. haematobium* (Leger et al. 2016; Djuikwo-Teukeng et al. 2019). Si ce résultat est attendu, les conséquences écologiques sont importantes car cela indique que l'introgression génétique se produit au Cameroun et est certainement un processus actuel et dynamique. De plus, l'augmentation de la diversité génétique par l'introgression de gènes interspécifiques peut avoir des implications importantes en termes de contrôle et d'issue des maladies car on s'attend notamment à ce qu'il y ait plus de variants génétiques et donc plus de résistance potentielle aux traitements.

Une autre étude menée sur 246 vers adultes de *Schistosoma mansoni* et analysés sur 15 marqueurs microsatellites a permis de tester si la diversité génétique du parasite était corrélée à l'inféctivité chez son hôte intermédiaire mollusque. Basés sur une approche expérimentale et sur 3 années de suivi, nos résultats ont mis en évidence que la diversité génétique du parasite diminuait à chaque génération réalisée en laboratoire. Cette diminution est susceptible d'être le résultat d'événements successifs de goulot d'étranglement. Cependant, alors que l'inféctivité pour les mollusques diminue nettement entre les individus prélevés sur le terrain et la première génération effectuée en laboratoire, ce trait de vie du parasite n'évolue plus au cours des générations suivantes suggérant une déconnection avec la perte continue de diversité génétique neutre (Figure 27). Nous émettons l'hypothèse qu'un niveau suffisant de polymorphisme de compatibilité au niveau génomique est maintenu indépendamment d'une augmentation de la consanguinité, assurant la stabilité du trait de vie du parasite.

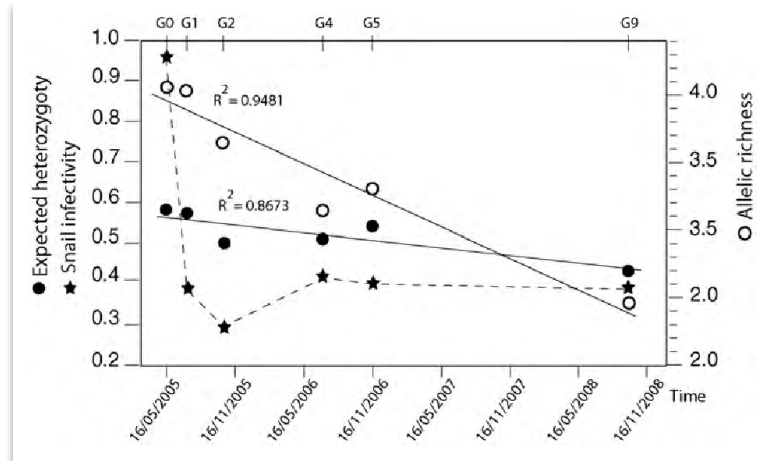


Figure 27 Evolution des indices de diversité génétique et d'infektivité pour les mollusques (hôte intermédiaire de *S. mansoni*) au fil du temps. Les deux indices de diversité, la richesse allélique avec des cercles blancs et l'hétérozygotie attendue avec des cercles noirs, diminuent avec le temps, au fil des générations. Au cours du temps, une variation de l'infektivité pour les mollusques avec des étoiles noires est détectée entre la génération de terrain G0 et les générations de laboratoire G1 à G9.

Publications associées :

N. BECH, S. BELTRAN, J. PORTELA, A. ROGNON, J.F. ALLIENNE, J. BOISSIER & A. THERON. (2010) Follow-up of the genetic diversity and snail infectivity of a *Schistosoma mansoni* strain from field to laboratory. **Infection, Genetics and Evolution**, 10 :1039-1045. doi.org/10.1016/j.meegid.2010.06.012.

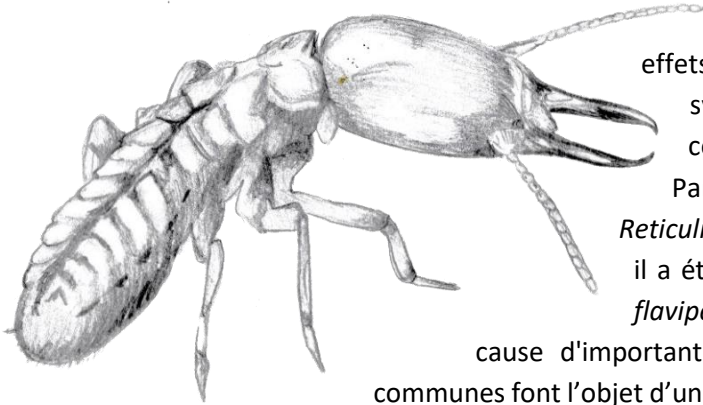
T. KEBEBE, **N. BECH**, JF ALLIENNE, O. REY, E. BERHANU, J. BOISSIER. Genetic evidence for the role of non-human primates as reservoir hosts for human schistosomiasis (2020) **PLOS Neglected Tropical Diseases**. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008538>. IF= 4.37.

F. F. D. TEUKENG, M. BLIN, **N. BECH**, M. R. GOMEZ, R. ZEIN-EDDINE, A. M. K. SIMO, J. F. ALLIENNE, L. A. TCHUEM-TCHUENTE (2022) Hybridization increases genetic diversity in *Schistosoma haematobium* populations infecting humans in Cameroon. **Infectious Diseases of Poverty – BMC** 11-37. <https://doi.org/10.1186/s40249-022-00958-0>. IF=3.02.

Ces études montrent l'importance de l'approche génétique en épidémiologie et notamment pour comprendre la dynamique des populations de parasites. Même si nous n'avons pas abordé l'aspect paysager de l'infektivité du parasite, nul doute que cette approche serait complémentaire pour orienter la mise en œuvre des mesures sanitaires directement sur le terrain.



b. Le cas des termites à Paris



Reticulitermes flavipes

Bien que l'urbanisation soit connue pour ses effets négatifs sur la biodiversité, il y a certaines espèces synanthropiques² qui sont bien adaptées au contexte urbain et qui peuvent prospérer en ville. Parmi ces espèces on distingue le termite *Reticulitermes flavipes*. En effet, originaire des États-Unis, il a été introduit dans de nombreux pays. En France, *R. flavipes* est considéré comme une espèce envahissante et cause d'importants dégâts causés aux bâtiments. Ainsi, certaines communes font l'objet d'un arrêté préfectoral de signalement des termites afin de protéger les habitations concernées, les constructions voisines et les éventuels acquéreurs. Cependant, les facteurs déterminant la propagation et la dynamique des colonies de *R. flavipes* sont encore mal connus dû à leur mode de vie cryptique et souterrain qui les rend difficiles à détecter.

Basés sur 9 marqueurs moléculaires microsattellites, un marqueur mitochondrial et sur un échantillonnage réalisé sur la ville de Paris, nos travaux ont décrit (i) la structure des colonies de *R. flavipes* dans le temps (Baudouin et al. 2017) et (ii) leur mode de propagation (Baudouin et al. 2018).

Dynamique des colonies de *R. flavipes* dans le temps

Afin d'étudier la dynamique des colonies de *R. flavipes* dans le temps, nous nous sommes basés sur deux échantillonnages espacés de 15 ans (en 2001 et en 2016). Couplé à une approche spatiale, les analyses génétiques ont permis d'identifier et de délimiter 18 colonies (8 colonies en 2001 et 10 en 2016). Chez certaines de ces colonies, nous avons pu observer des différences génétiques entre 2001 et 2016. Ce résultat suggère qu'une nouvelle colonie a pu remplacer (par déplacement ou éradication) la première entre les deux dates. Alors que ce type de remplacement est connu dans les zones à forte densité où l'essaimage³ favorise la dispersion et la recolonisation des colonies (Vargo 2003; Parman and Vargo 2010; Vargo and Parman 2012), un tel évènement est moins probable dans un environnement anthropisé beaucoup moins favorable à la dispersion des individus ailés. Ainsi, la différenciation génétique enregistrée entre les colonies de 2001 et de 2016 semble être le résultat d'un transport de termites *via* les activités anthropiques (Dronnet et al. 2005; Perdereau et al. 2010, 2015) ou d'une dérive génétique *via* un mode de dispersion par bourgeonnement suggéré par un isolement par la distance significatif (Baudouin et al. 2017) et une autocorrélation spatiale des infestations d'habitations ayant même parfois été traitées (Baudouin et al. 2018). **En termes d'applications, cette première**

² La synanthropie représente les capacités de certains individus à habiter des écosystèmes anthropisés tel que le paysage urbain.

³ L'essaimage est le mode de dispersion classique chez toutes les espèces de termites. Au cours de l'essaimage, mâles et femelles partent à la recherche d'un partenaire et d'un site favorable pour fonder une nouvelle colonie.

étude met en évidence que les termites sont capables de se maintenir ou de recoloniser des zones traitées.

Distribution spatiale et dispersion des individus *R. flavipes* :

Basé sur un échantillonnage de 2106 infestations, nous avons pu mettre en évidence la présence de 4 populations de termites dans Paris au sein desquelles nous avons pu délimiter 28 colonies distinctes (Figure 28).

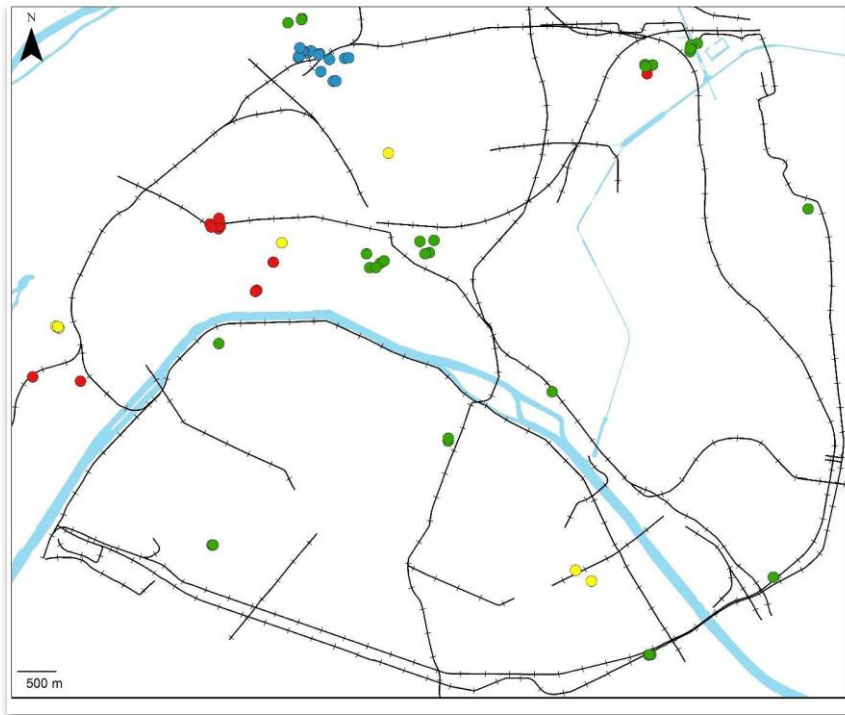


Figure 28 : Distribution spatiale des échantillons analysés à Paris (ronds de couleur), les lignes avec les bâtons représentent le réseau ferroviaire et les lignes en bleu représentent le réseau hydrographique. Les ronds de la même couleur appartiennent au même cluster génétique inféré par le logiciel GENELAND (K=4) (Guillot et al. 2005). La figure est tirée de Baudouin et al (2018).

La distribution spatiale de ces colonies est en partie expliquée par l'âge du bâti. En effet, sur certaines zones de Paris, alors que les bâtiments construits avant 1968 semblent propices à l'infestation de termites, ce sont les bâtiments plus récents qui sont les plus touchés, sans doute parce qu'ils ont été construits sur des zones infestées auparavant. Par conséquent, à l'échelle locale, les variables environnementales urbaines pourraient affecter la structure génétique des termites, et potentiellement leur dispersion. De plus, à l'échelle de la ville, la distribution des infestations semble également être expliquée par la proximité de la voie ferrée. Alors que la propagation des termites via les voies ferrées, en partie constituées de poutres en bois utilisées par les termites, a déjà été évoquée en France (Andrieu et al. 2017), nos résultats montrent, pour la première fois, un effet du réseau ferroviaire sur la structuration génétique des infestations à Paris (Baudouin et al. 2018).

Publications associées :

G. BAUDOQUIN, F. DEDEINE, N. BECH, S. BANKHEAD-DRONNET, S. DUPONT, A.G. BAGNERES (2017) An American termite in Paris : temporal colony dynamics. *Genetica* 145(6) :503-512; [doi : 10.1007/s10709-017-9991-9](https://doi.org/10.1007/s10709-017-9991-9). IF=1.3.

G. BAUDOQUIN, N. BECH, F. DEDEINE, A.G. BAGNÈRES (2018) Spatial and genetic distribution of a north American termite, *Reticulitermes flavipes*, across the landscape of Paris. *Urban Ecosystem* 21 : 751-764; <https://doi.org/10.1007/s10709-017-9991-9> IF=2.49

5. Les espèces « ordinaires » : des informations précieuses à ne pas négliger

Dans son article, Jamie (2007) met en évidence que la conservation des espèces au Royaume Uni est orientée par ce qu'il définit comme le charisme des espèces non humaines (Jamie 2007). Ce charisme dépendrait de la capacité des humains à percevoir le vivant. Ainsi, les espèces faciles à observer, à entendre ou encore à sentir seraient privilégiées dans les études et les plans de conservation. Selon Adamo (2022), la conservation de la biodiversité est biaisée par des préjugés taxonomiques et esthétiques) (Adamo et al. 2022). Leur étude précise notamment qu'entre 1992 et 2020, les espèces animales ont reçu trois fois plus de fonds que les espèces végétales. Parmi les espèces végétales, les espèces situées à des latitudes septentrionales, dont l'aire de répartition est plus étendue et dont les fleurs sont bleues ou violettes ont reçu davantage de fonds indépendamment de leur statut de conservation. De concert avec ces remarques et selon Bonnet et al. (2002), les études en écologie et en comportement seraient principalement orientées vers les oiseaux et les mammifères laissant de côté les organismes moins "populaires", tels que les amphibiens et les reptiles. De plus, selon cette étude, l'évaluation des travaux menés sur des espèces moins populaires seraient même plus sévère compte tenu de préjugés défavorables des arbitres (*i.e.* éditeurs et correcteurs) à l'égard des espèces étudiées (Bonnet et al. 2002).

Compte tenu des biais cognitifs, capables d'orienter les études et la conservation vers certaines espèces, il semble légitime de se demander quels messages les groupes taxonomiques moins charismatiques, voire les espèces dites « ordinaires » ont à apporter ?

Dans son questionnaire-étude anonyme, Zeller et al (2022, données non publiées) ont proposé à plus de 5000 participant.e.s des images d'animaux issus de différents groupes taxonomiques pour évaluer notamment la valeur esthétique d'arthropodes. Parmi les différents groupes taxonomiques proposés, les isopodes terrestres, classiquement appelés colportes, arrivent tout en bas du classement dans les préférences des participant.e.s. Pourtant, ces organismes, au-delà de leur intérêt notamment en tant que décomposeurs et bioindicateur de la qualité des milieux agricoles, peuvent largement contribuer à améliorer les connaissances et servir d'outils d'aménagement des espaces. C'est ce que cette partie 5 vise à montrer.

a. Les isopodes terrestres comme apport de connaissances

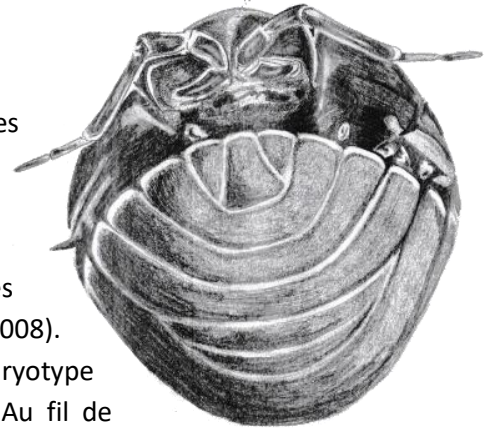
Wolbachia et dynamique de populations

Chez l'isopode terrestre *Armadillidium vulgare*, de nombreuses femelles produisent des portées présentant un déficit de mâles. Ce biais de sex ratio dans la descendance est souvent associé à la présence de *Wolbachia*, une α -protéobactérie endosymbiotique capable de manipuler la reproduction de ses hôtes *via* plusieurs mécanismes favorisant leur transmission verticale à la descendance (Werren et al. 2008).

Chez *A. vulgare*, cette bactérie féminise les individus porteurs de caryotype mâle dès le développement embryonnaire (Cordaux et al. 2004). Au fil de l'évolution, une partie du génome de *Wolbachia* a été insérée au sein du génome du cloporte (Chebbi et al. 2019). A l'instar de la bactérie *Wolbachia*, cette partie génomique, appelée l'élément f, est également capable de féminiser les mâles sans la présence de *Wolbachia* (Rigaud et al. 1997 ; Chebbi et al. 2019). Il y a donc chez *A. vulgare* deux éléments tendant à augmenter la proportion de femelles dans les populations. Cependant, à terme et à une échelle populationnelle, un tel scénario devrait conduire à la disparition de tous les mâles et donc à une disparition de la population hôte incapable de se reproduire en l'absence de mâles reproducteurs.

Dans le cadre des travaux de recherche que j'ai eu l'occasion de mener sur les interactions entre *Wolbachia* et son hôte *A. vulgare*, nous avons d'abord mis en évidence la présence d'une souche supplémentaire de *Wolbachia*, nommées *wVulP* (Valette et al. 2013). Celle-ci vient se rajouter aux deux souches déjà connues *wVulM* et *wVulC* (Cordaux et al. 2004). Nous avons ensuite mis au point et validé une méthode permettant de génotyper et caractériser la présence de ces trois souches au sein des individus *A. vulgare* et ainsi de déterminer rapidement le statut d'infection de chaque individu. Les résultats ont montré qu'un individu pouvait héberger plusieurs souches de *Wolbachia* (Valette et al. 2013) mais que l'une des souches était souvent minoritaire par rapport à l'autre (Durand et al. 2023). A l'échelle populationnelle (*i.e.* 16 populations d'Europe et du Japon), nos résultats montrent également que *Wolbachia* et l'élément f ne coexistent jamais à une fréquence élevée. Cette exclusion mutuelle peut s'expliquer en considérant que la coexistence de plusieurs facteurs féminisants dans une population devrait favoriser celui qui est le plus transmis en l'occurrence la bactérie *Wolbachia* (Taylor 1990; Cordaux and Gilbert 2017). Ainsi, on peut se demander pourquoi la bactérie *Wolbachia* n'a pas envahi toutes les populations et tous les individus d'*A. vulgare* ? Alors qu'une première hypothèse évoque la présence de gènes de résistance à la féminisation, une deuxième hypothèse, suggère, quant-à elle, une plus forte valeur sélective chez les individus non porteurs de la bactérie *Wolbachia*.

- En faveur de la première hypothèse, nos résultats ont mis en évidence des mâles porteurs de *Wolbachia* et pourtant de phénotype bien mâles et



Armadillidium vulgare

capables de se reproduire avec des femelles. Cela pourrait indiquer que ces mâles n'ont peut-être pas une quantité suffisante de bactéries pour induire la féminisation ou qu'ils possèdent des allèles bloquant la féminisation (Durand et al. 2023).

- Une autre étude, en faveur de la deuxième hypothèse et menée en populations naturelles, montre que les femelles *A. vulgare*, dotée d'un réceptacle séminal, peuvent produire des descendance issues de plusieurs pères. Cependant, le nombre de pères impliqués dans la fécondation reste significativement inférieur chez les femelles infectées par la souche *wVulC* de *Wolbachia* en comparaison aux femelles non infectées ou infectées par la souche *wVulM* (considérée comme moins virulente⁴ que la souche *wVulC*). Par extension, nous pouvons considérer que les femelles infectées sont moins attirantes pour les mâles que les femelles non infectées qui montrent ainsi une valeur sélective plus importante (Moreau et al. 2001). Par ailleurs, cette moins bonne valeur sélective chez les individus porteurs de la bactérie a également été soulignée dans une étude que nous avons menée sur un autre modèle impliquant la bactérie *Wolbachia* et son hôte *Porcelio dilatatus* chez qui elle induit de l'incompatibilité cytoplasmique (cf partie ci-après) (Bech et al. 2021).

Quelle que soit l'hypothèse, nos résultats fournissent des éléments de réponse pouvant expliquer le maintien d'individus mâles reproducteurs au sein des populations infectées par la bactérie *Wolbachia*. Ainsi, nos travaux menés sur les interactions *Wolbachia*/cloportes fournissent des éléments constructifs :

- Pour la compréhension de la dynamique évolutive des éléments féminisants chez *A. vulgare*,
- Pour la caractérisation et la compréhension de la diversité des déterminants du sexe dans le vivant.
- Pour la compréhension de la dynamique des populations dans un système hôte/symbiote.

Compte tenu des conséquences évolutives de *Wolbachia* sur ses populations hôtes et de la transférabilité des résultats à d'autres modèles, l'intérêt pour cette bactérie et des interactions associées a vu un essor considérable ces dernières années lorsque des applications potentielles ont été mises en évidence sur des insectes ravageurs de cultures ou vecteurs de pathogènes humains (Werren et al. 2008). Ainsi, étudier les interactions de *Wolbachia* avec ses différents hôtes pourrait avoir des répercussions d'importance économique et sanitaire à l'échelle mondiale.

Wolbachia et diversité génétique des populations hôtes

Parmi les effets enregistrés sur la reproduction de ses hôtes, la bactérie *Wolbachia* est capable d'induire une incompatibilité cytoplasmique (IC) qui favorise sa propagation

⁴ La virulence de la bactérie *Wolbachia* est évaluée *via* la densité hémoctaire, la probabilité de septicémie plus élevée chez les individus infectés et la durée de vie généralement plus courte chez les individus infectés (Braquart-Varnier et al. 2008).

en diminuant spécifiquement la fertilité des croisements impliquant des mâles infectés et des femelles non infectées (*via* la mortalité des embryons) (Werren et al. 2008). Chez l'isopode terrestre *Porcellio dilatatus*, la bactérie *Wolbachia wPet*, infectant la sous-espèce *P. d. petiti*, induit une IC unidirectionnelle avec les individus non infectés de la sous-espèce *P. d. dilatatus* (Tableau 2).

	Mâle non infecté	Mâle infecté par <i>Wolbachia</i>
Femelle non infectée	OK	Mort des embryons
Femelle infectée par <i>Wolbachia</i>	OK	OK

Tableau 2 : Incompatibilité unidirectionnelle, issue des croisements entre individus infecté.e.s par *Wolbachia* et non infecté.e.s.

Chez le cloporte *P. dilatatus*, afin d'étudier les conséquences génétiques découlant des contraintes liées à l'IC associée à l'infection par *Wolbachia*, nous avons réalisé des croisements expérimentaux impliquant des individus *P. d. dilatatus* ("*dilatatus*") non infectés et des individus *P. d. petiti* ("*petiti*") porteur de la bactérie *Wolbachia*. Ces croisements expérimentaux ont été réalisés dans des cages, dites à populations,ensemencées avec différentes proportions d'individus infectés et non infectés. Nous avons ensuite analysé l'évolution des signatures génétiques mitochondriale et nucléaire et le statut d'infection des individus 5 et 7 ans après la mise en place initiale du protocole.

Dans le contexte d'IC unidirectionnelle, les femelles non infectées par Wolbachia ne peuvent avoir de descendants qu'avec les mâles non infectés alors que les femelles infectées peuvent obtenir des descendants avec tous les mâles qu'ils soient infectés ou non. On peut donc s'attendre, au bout de quelques années, à ce que Wolbachia ait envahi la population ou, au contraire, ait disparu en lien avec un cout évolutif imposé aux individus infecté.e.s.

L'analyse de marqueurs microsatellites que nous avons mis au point (Michaud et al. 2016) a permis de détecter une hybridation entre les individus infectés par *Wolbachia* ("*petiti*") et les individus non infectés ("*dilatatus*"). Compte tenu de l'IC unidirectionnelle, ces individus sont vraisemblablement issus du croisement entre une femelle infectée et un mâle non infecté (tableau 4). De plus, la méthodologie employée, combinant modélisations et statistiques, nous a permis de mettre en évidence des hybrides de deuxième génération et plus, suggérant que les individus hybrides F1 et F2 étaient fertiles. Ces individus hybrides issus notamment de rétrocroisements ont montré des génomes nucléaires dominés par les allèles de "*dilatatus*", mais étaient également infectés par la bactérie *Wolbachia* de la lignée "*petiti*". Tout comme la signature génétique de "*dilatatus*" qui a évolué au dépend de la signature génétique de "*petiti*", la prévalence de *Wolbachia* a augmenté avec le temps dans toutes les cages à populations, et ce, quelle que soit la proportion d'individus "*dilatatus*" et "*petiti*". Cependant, comme évoqué précédemment,

Wolbachia est une bactérie cytoplasmique et sa transmission s'accompagne toujours du génome mitochondrial associé. Ainsi, au bout de 7 années de suivi et d'expériences, la majorité des individus présents dans les cages à populations étaient infectés par la bactérie *Wolbachia* et présentaient un génome nucléaire signé « *dilatatus* » et un génome mitochondrial signé « *petiti* ». Une préférence d'accouplement entre les individus non infectés, des différences de compétitivité des mâles dans l'accès aux partenaires sexuels et des coûts potentiels pour les individus portant *Wolbachia* pourraient être à la base des résultats observés.

Si la formation de nouvelles espèces découle de variations génétiques entre deux individus ou groupes d'individus, alors la bactérie *Wolbachia*, qui a la capacité de diriger les croisements et d'influencer la composition des génomes mitochondriaux et nucléaires, pourrait être considérée comme un facteur significatif dans le processus de spéciation et, par conséquent, dans l'évolution de ses hôtes.

Publications associées :

- I. GIRAUD, V. VALETTE, **N. BECH**, F. GRANDJEAN, R. CORDAUX (2013) Isolation and characterization of microsatellite loci for the isopod crustacean *Armadillidium vulgare* and transferability in terrestrial isopods. **Plos One** 8(10): 1-6. doi.org/10.1371/journal.pone.0076639 IF=3.5
- V. VALETTE, Y. BITOME, W. LE CLEC'H, M. JOHNSON, **N. BECH**, F. GRANJEAN (2013) Multi-infections of feminizing *Wolbachia* strains in natural populations of the terrestrial isopod *Armadillidium vulgare*. **Plos One** 8(12): 1-7. doi.org/10.1371/journal.pone.0082633 IF=3.5
- S. MASSON, C. FAIVRE, R. CORDAUX, C. SOUTY GROSSET, C. DELAUNAY, D. BOUCHON, **N. BECH**. (2014) Development of a microsatellite primer set to investigate the genetic structure of *Armadillidium nasatum* (Crustacea, Oniscidea). **Journal of Genetics** 93(2): 545-9. doi.org/10.1007/s12041-014-0400-1 ; IF=1.1
- C. MICHAUD, C. CHUPEAU, **N. BECH**, M. THIERRY, M. SICARD, P. GREVE, S. BELTRAN-BECH (2016) Isolation, characterization and PCR multiplexing of microsatellite loci for two sub-species of terrestrial isopod *Porcellio dilatatus* (Crustacea, Oniscidea). **Genetica** 144:223-228. [doi: 10.1007/s10709-016-9892-3](https://doi.org/10.1007/s10709-016-9892-3) IF=1.3.
- V. VALETTE, S. DURAND, **N. BECH**, F. GRANDJEAN, S. BELTRAN-BECH (2017) Multiple paternity in a wild population of *Armadillidium vulgare*: influence of infection with *Wolbachia*? **Journal of Evolutionary Biology** 30(2):235-243. [doi: 10.5061/dryad.tj7k5](https://doi.org/10.5061/dryad.tj7k5) IF=2.74.
- N. BECH**, C. DEPEUX, S. DURAND, C. DEBENEST, A. LAFFITE, S. BELTRAN-BECH (2017) When GIS zooms in: Spatio-genetic maps of multipaternity in *Armadillidium vulgare*. **Genetica** 145(6):491-502; [doi: 10.1007/s10709-017-9992-8](https://doi.org/10.1007/s10709-017-9992-8). IF=1.3. [[Lien vers la cartographie de l'article](#)].
- S. DURAND, F. GRANDJEAN, I. GIRAUD, R. CORDAUX, S. BELTRAN-BECH, **N. BECH** (2019) Fine-scale population structure analysis in *Armadillidium vulgare* (Isopoda: Oniscidea) reveals strong female philopatry. **Acta oecologica** 101 [arXiv:1807.03059](https://arxiv.org/abs/1807.03059). IF=1.69
- N. BECH**, S. BELTRAN-BECH, C. CHUPEAU, J. PECCOUD, M. THIERRY, R. RAIMOND, Y. CAUBET, M. SICARD, P. GREVE. (2021) Experimental evidence of *Wolbachia* introgressive acquisition between terrestrial isopod subspecies. **Current Zoology** 67(4) : 455-464. <https://doi.org/10.1093/cz/zoaa078>. IF=2.35.
- S. DURAND, B. LHERAUD, I. GIRAUD, **N. BECH**, F. GRANDJEAN, T. RIGAUD, J. PECCOUD, R. CORDAUX (2023) Distribution of sex ratio distorters in natural populations of the isopod *Armadillidium vulgare*. **Biology letters** 19: 20220457. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2022.0457> IF= 3.8.

b. Les isopodes terrestres : outil d'aménagement des territoires - projets

Depuis plus de 50 ans, le laboratoire EBI dont je fais partie travaille sur les isopodes terrestres. Quel que soit le public devant lequel j'ai eu l'occasion de présenter le modèle « cloporte » celui-ci invite souvent le sourire des interlocuteur/trice.s. Le terme « cloporte », est même considéré comme une insulte dans certaines bandes dessinées. Au-delà du fait qu'il semble un peu saugrenu de rire du cloporte alors que la biodiversité connaît aujourd'hui un déclin important, les cloportes sont généralement connus pour les services écosystémiques qu'ils rendent *via* la décomposition de la matière organique et la fertilisation des sols (Souty-Grosset et al. 2005; Souty-Grosset and Faberi 2018). De plus, contrairement aux espèces à enjeux souvent associées à des occurrences rares et éparées, les cloportes montrent une large valence écologique et se retrouvent dans des paysages très différents incluant notamment le paysage urbain. Ce dernier est particulièrement intéressant car l'urbanisation entraîne, à l'échelle internationale, des modifications importantes par rapport au milieu naturel, et durables (Sanderson and Huron 2011; Ramalho and Hobbs 2012). Ainsi, à l'heure où 62% de la population humaine habite en ville et à l'aube d'une planète accueillant 9 milliards de personnes, il est crucial de travailler sur une gestion durable de nos paysages urbains afin de préserver une bonne qualité de vie, que ce soit pour la biodiversité, ou pour les humains.



Dans cette partie, je développerai trois projets de recherche utilisant :

- le modèle cloporte comme outil propice à l'analyse des processis écologiques en ville,
- la Communauté urbaine de Grand Poitiers (GPCU) comme zone d'étude (> voir illustration ci-contre).

Deux de ces projets prennent en compte la dynamique temporelle des paysages car, bien souvent, les projets d'aménagement du territoire en faveur de la biodiversité ou dans un cadre foncier ne prennent en compte que l'occupation actuelle du sol sans considérer la dynamique temporelle du paysage (Figure 29).

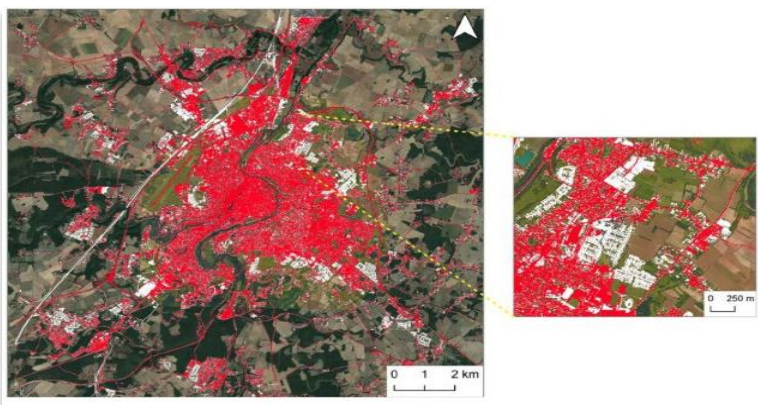
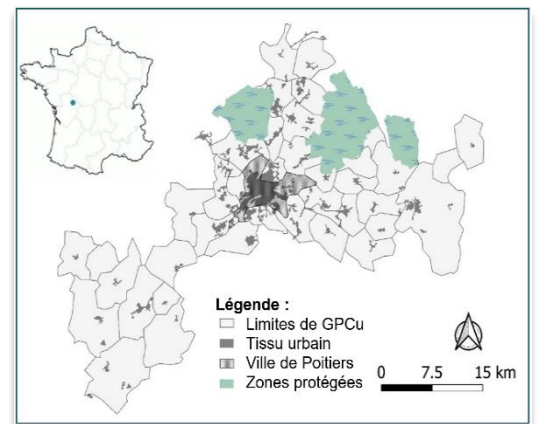


Figure 29 : Evolution des surfaces imperméabilisées entre 1993 en rouge et 2017 en blanc. Les surfaces urbanisées ont augmenté de 21% sur la période considérée.

Or, selon la dynamique des paysages, l'occupation du sol et son hétérogénéité évoluent dans l'espace et le temps et la structure paysagère actuelle résulte vraisemblablement de l'occupation du sol passée. Cependant, les modifications d'occupation du sol en paysages urbains ont été si rapides et drastiques qu'il est aujourd'hui difficile de trouver des cohérences entre l'occupation du sol d'hier et celle d'aujourd'hui. Dans ce contexte, interroger les archives paysagères semble crucial pour connaître l'histoire et la succession des couvertures du sol et ainsi prendre en compte la dynamique temporelle de l'occupation du sol afin d'envisager l'aménagement de nos territoires.

Évolution spatio-temporelle de la distribution spatiale des connectivités écologiques au sein de GPCU

Parmi les grandes menaces pesant sur la biodiversité et ses habitats, le changement d'occupation du sol, fait partie des plus impactantes (Benítez-López et al. 2010). En effet, ces changements d'utilisation des sols perturbent profondément la structure du paysage et des habitats associés, modifiant ainsi à la fois la composition du paysage (c'est-à-dire l'occupation du sol) et sa configuration (c'est-à-dire la disposition spatiale de l'occupation du sol) (Figure 30) (Taylor et al. 1993 ; Fahrig et al. 2011). Ce phénomène se traduit aujourd'hui par une fragmentation des habitats et plus précisément par la perte de leur surface, de leur disponibilité et de leur connectivité. Pour la biodiversité, ceci résulte en une limitation des flux et des mouvements biologiques qui dépendent alors de l'organisation spatiale et temporelle de certains éléments paysagers. Ces éléments du paysage jouent un rôle de barrière à la dispersion et limitent ainsi les connections entre les habitats voire isolent géographiquement certains d'entre eux (*i.e.* en créant des îles au sens biogéographique du terme) (Wilcove et al. 1986). Les patchs d'habitats restants jouent alors un rôle de refuge pour les organismes et arborent généralement une riche biodiversité les qualifiant souvent de réservoirs de biodiversité. Cependant, l'isolement géographique des populations conduit souvent à la réduction des tailles de populations, à une consanguinité et à un risque grandissant de vortex d'extinction (Frankham et al. 2002). Ainsi, la pérennité et la résilience de cette biodiversité deviennent dépendantes du degré d'isolement géographique du patch sur lequel elle se trouve (c'est-à-dire de la connectivité du patch avec les autres patchs d'habitat avoisinants (Figure 31)). Dans ce contexte étudier la connectivité des patchs d'habitats/réservoirs de biodiversité représente alors un enjeu majeur dans la préservation de l'environnement et des services écosystémiques associés.

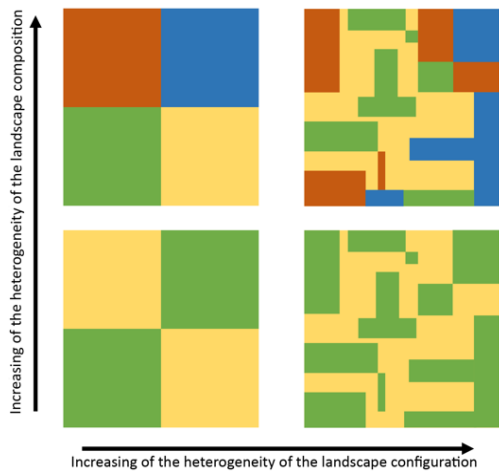


Figure 30 : Évolution de la composition et de la configuration du paysage (modifié d'après Fahrig 2011).

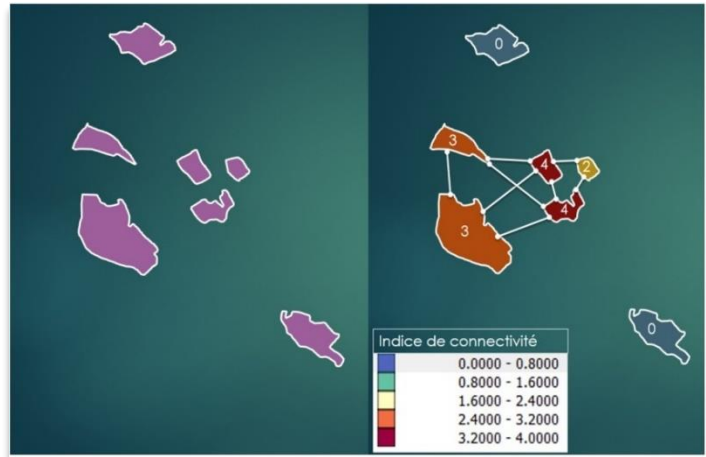


Figure 31 A gauche : Distribution spatiales de patches d'habitat. A droite : Connection potentielles entre les patches d'habitat. Les chiffres représentent le nombre de liens par patch avec les autres patches. Certains patches ne sont pas connectés car trop distants des autres patches avoisinants. Le dégradé de couleurs représente la connectivité des patches.

Dans le cadre de mes travaux de recherche sur ce thème, la complexité de la mosaïque paysagère des paysages urbains nous a invité, dans un premier temps, à développer et employer des méthodes de télédétection et des images 'open-source' pour décrire, avec précision, l'occupation du sol de GPCU. Cette approche nous a permis d'obtenir des cartographies actuelles et passées fiables avec des résolutions spatiales (*i.e.* 50cm / pixel) et thématiques (*e.g.* identifiant les strates de végétation arborée et herbacée) très fines (Morin et al. 2022).

Répliquée à l'échelle des villes de Poitiers (86), Niort (79) et Châtelleraut (86), cette approche a permis de montrer que la qualité (*i.e.* résolution spatiale et thématique) des cartographies était importante car, comme attendu, elle pouvait influencer la modélisation des corridors écologiques et ainsi modifier les indices de connectivité structurelle et fonctionnelle (Figure 32). A titre d'exemple, notre approche permet de détecter jusqu'à 4 fois plus de végétation herbacée et arborée que les cartes institutionnelles classiquement utilisées (Morin et al. 2022).

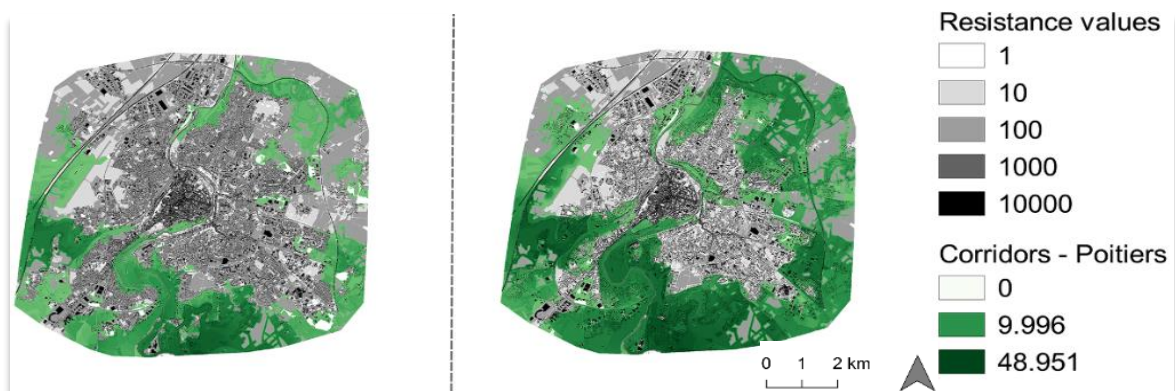


Figure 32 : - A gauche, corridors écologiques d'aujourd'hui modélisés sur GPCU à partir d'une carte d'occupation du sol issue des bases de données institutionnelles.

- A droite, modélisations des corridors écologiques d'aujourd'hui modélisés sur GPCU à partir d'une carte d'occupation du sol issue de notre méthodologie employant des méthodes de télédétection open-source et des images gratuites.

Ainsi, notre approche combinant télédétection et modélisation de la connectivité du paysage à une échelle très fine offre de nouvelles perspectives pour la caractérisation des réseaux écologiques dans le cadre de la planification des plans de conservation.

Dans un deuxième temps, nous avons examiné l'impact des changements d'utilisation du sol sur la connectivité écologique et la disponibilité de l'habitat de deux espèces d'oiseaux : le pipit des arbres (*Anthus trivialis*) et le grimpereau des jardins (*Certhia brachydactyla*). En se basant sur des cartes de friction, nous avons modélisé la connectivité écologique de ces deux espèces à partir de l'occupation du sol actuelle. Ces modélisations ont été vérifiées grâce aux occurrences enregistrées dans le cadre du programme de *Suivi Temporel des Oiseaux Communs* (i.e. STOC). Une fois vérifiés, nos paramètres de modélisation ont été appliqués à la cartographie d'occupation du sol de 1993 afin de connaître la connectivité écologique de l'époque et ainsi estimer l'évolution spatio-temporelle de cette connectivité écologique. Globalement, pour la période étudiée, les résultats ont indiqué une augmentation de la connectivité du paysage pour les deux espèces (Figure 33). Cette augmentation est en adéquation avec l'augmentation des effectifs de populations de *C. brachydactyla* enregistrée à l'échelle nationale par les données STOC. Cependant, ces résultats ne correspondent pas à la tendance nationale montrant une diminution des populations de *A. trivialis*. Ainsi, les changements de connectivité du paysage pourraient directement corroborer l'abondance des populations à une échelle locale mais pas forcément à l'échelle nationale où les dynamiques paysagères peuvent varier d'un territoire à un autre.

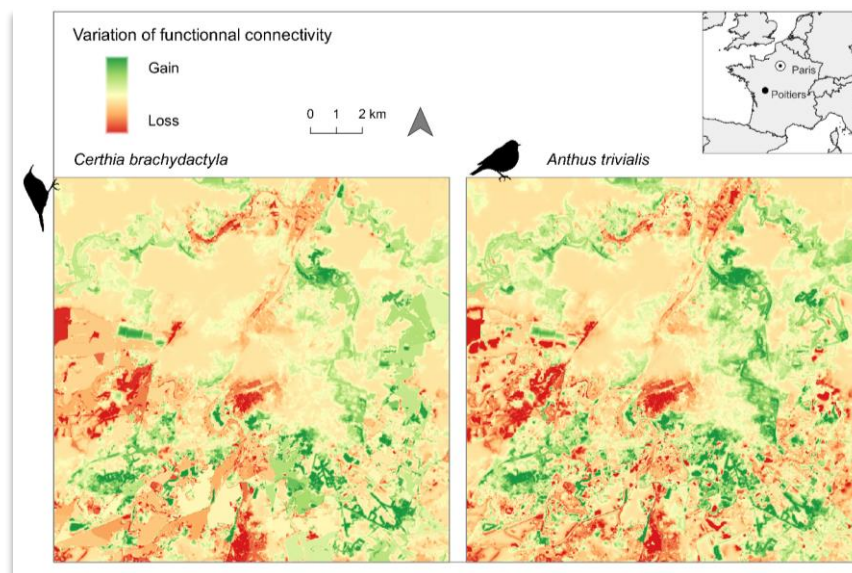


Figure 33 : Variation spatiale de la connectivité fonctionnelle entre 1993 et aujourd'hui pour *C. brachydactyla* et *A. trivialis*.

➤ Cette étude et les résultats associés sont en cours de publication.

La suite du projet consiste à utiliser l'outil génétique pour appliquer notre méthodologie et vérifier les corridors écologiques modélisés. Plus précisément, en paysage urbain, il est prévu d'employer des marqueurs moléculaires (i.e. microsatellites et SNP) pour étudier les flux de gènes chez les cloportes (*A. vulgare*) notamment. Le réseau dessiné par les flux de gènes sera ensuite comparé au réseau de corridors écologiques modélisés afin de vérifier l'efficacité de ceux-ci.

Ce projet fait actuellement l'objet d'un soutien financier de la part de l'Agence Nationale de la Recherche, de GPCU et de la Région Nouvelle Aquitaine. Il comprend de nombreux partenaires de différents horizons (i.e. associations naturalistes, collectivités territoriales, laboratoires de recherches et réseaux de recherche régionaux) et se base sur une approche multidisciplinaire (Ecologie, géographie).



Publications associées :

- E. MORIN, P.A. HERRAULT, Y. GUINARD, F. GRANDJEAN, N. BECH (2022) The promising combination of a remote sensing approach and landscape connectivity modelling at a fine scale in urban planning. *Ecological Indicators* 139: 1-13. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108930>. IF=6.9.
- E. MORIN, N. TOLOTRA, Y. GUINARD, J.L. YENGUE, F. GRANDJEAN, N. BECH (2023) Mapping past land cover on Poitiers in 1993 at Very High Resolution using GEOBIA approach and open data in brief [HTTP://DX.DOI.ORG/10.2139/SSRN.4545800](http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4545800). IF= 1,2.
- E. MORIN, N. TOLOTRA, Y. GUINARD, J.L. YENGUE, F. GRANDJEAN, N. BECH (2023) A complete framework based on remote sensing and landscape ecology modelling to investigate spatio-temporal landscape changes and its potential impacts on landscape connectivity. *Submitted in Journal of Environmental Management* IF= 8,9

Les résultats de cette étude ont été transmis aux politiques d'aménagement de GPCU (partenaire du projet) afin de mettre à disposition la donnée aux citoyens et de prendre en compte les corridors écologiques modélisés dans le prochain PLUI.

Évolution spatio-temporelle de la distribution spatiale des Ilots de Chaleur Urbains au sein de GPCU

En ville, la densification de l'urbanisation, associée aux méthodes d'aménagement des espaces et aux activités humaines, se traduit par une augmentation des surfaces artificielles et minéralisées au dépend des espaces naturels et semi-naturels composés essentiellement de verdure (Yang et al. 2020; Halder et al. 2021) (figure 28). Localement, cette artificialisation généralisée du sol peut également créer des micro-climats artificiels et notamment une augmentation locale des températures (Yang et al. 2020). En effet, en ville, les routes et parkings goudronnés mais aussi les toitures et les murs vont augmenter l'absorption des rayons du soleil et rediffuser l'énergie stockée sous forme de chaleur. Alors que ce phénomène pourrait être compensé par la présence d'eau, l'imperméabilisation généralisée des sols évacue rapidement, par ruissellement, les eaux de surfaces. Ceci se traduit par une captation plus importante de la chaleur qui va se cumuler à celle produite par les activités anthropiques (e.g. industries, transports). De plus, ces mêmes activités anthropiques vont également être responsables d'une augmentation des gaz à effet de serre qui, couplés à une modification/stagnation de la circulation de l'air due à la morphologie du bâti, vont emprisonner la chaleur accumulée au sein des espaces urbains. Ces zones vont ainsi être caractérisées par un phénomène d'élévation de température localisée (par rapport aux zones voisines rurales) et sont nommées "îlots de chaleur urbains" (i.e. ICU) (Taha 2004). Selon l'aménagement de ces zones, on va distinguer des ICU plutôt (i) diurnes si c'est principalement le sol qui capte et rediffuse la chaleur des rayons du soleil ou plutôt (ii) nocturnes si ce sont les matériaux de construction qui emmagasinent principalement la chaleur durant la journée et la rediffusent la nuit (Taha 2004). Alors que ces ICU ont longtemps été délaissés dans les plans d'aménagement territoriaux (voire considérés comme bénéfiques en période hivernale), aujourd'hui, dans un contexte de réchauffement climatique, ils sont au centre des préoccupations car ils peuvent avoir des répercussions sanitaires importantes. En effet, l'augmentation locale des températures peut aggraver les épisodes de canicule affectant ainsi le bien-être et la qualité de vie des organismes vivants dans ces zones en induisant une redistribution de la biodiversité : la fuite des espèces thermo-sensibles et la colonisation des espèces résistantes aux fortes températures, un problème de thermorégulation chez les humains (e.g. syncopes, hyperthermie, aggravation des maladies chroniques) et une diminution de la qualité de l'air à l'extérieur comme à l'intérieur du bâti (Heaviside et al. 2017).

Dans ce contexte, nous développons un projet dont le premier axe vise à déterminer l'évolution spatio-temporelle de la distribution spatiale des ICU sur GPCU en utilisant des approches cartographiques dont les modélisations seront validées par des relevés de températures et d'hygrométrie directement sur le 'terrain' (i.e. *in situ*). A ce stade, nous avons pu modéliser les ICU ainsi que les îlots de fraîcheur urbain (IFU) sur la base d'une cartographie d'occupation du sol de 2020 (Figure 34). Ces modélisations ont été vérifiées et validées *in natura* avec des capteurs de température et d'hygrométrie⁵

⁵ Les capteurs ont été positionnés, à chaque fois, sur un arbre à l'ombre et orientés vers le Nord afin de standardiser nos mesures entre IFU et ICU.

ayant enregistré des écarts de température de minimum 1,5°C entre ICU et IFU. Nos paramètres de modélisations vont maintenant être appliqués à une cartographie de 1993 afin d'estimer l'évolution spatio-temporelle des ICU et IFU.

Cette variation de température entre ICU et IFU correspond aux changements de température attendus selon différents scénarios du GIEC (Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat) y compris le scénario le plus optimiste (i.e. SSP1-1.9). Cette correspondance suggère que les ICU représentent actuellement des zones sentinelles du réchauffement des températures.



Figure 34 : Modélisation des ICU (à gauche) et des IFU (au centre) de GPCU. À droite, zoom sur une zone d'habitations présentant des zones ICU et IFU.

Dans un souci d'applicabilité sur le terrain, les modélisations cartographiques ont été transmises à GPCU afin que celles-ci soient prises en compte dans le prochain Plan Local d'Urbanisme Intercommunal.

Cette approche cartographique couplée à une validation sur le terrain nous a permis de dessiner et d'entreprendre une campagne d'échantillonnage de cloportes *A. vulgare*, l'une des espèces que l'on peut retrouver en paysage urbain et dans des ICU notamment. L'étape suivante consistera à analyser ces cloportes prélevés en ICU d'une part et en IFU d'autre part afin de comparer leur 'état de santé'. Pour cela, nous analyserons des traits d'histoire de vie (e.g. courbes de croissance et de survie, capacité et nombre de reproduction) et des biomarqueurs (e.g. activité β -galactosidase, Expression du gène lié à la télomérase : gène *TERT*) déjà disponibles sur l'espèce et sensibles à l'augmentation des températures (Depeux et al. 2018). Également, sur cette facette biodiversité, nous analyserons la présence et l'absence d'oiseaux et de chauves-souris au sein des ICU et IFU sous l'hypothèse d'un évitement des zones ICU. Ces groupes 'oiseaux' et 'chiroptères' ont été visés afin d'étudier un évitement potentiel des ICU selon leur comportement thermique le jour et la nuit.

Sur une facette humaine, l'étroite collaboration, dans le cadre de ce projet, avec des collègues géographes va permettre d'étudier chez les résidents des ICU leur niveau de vulnérabilité physiologique⁶ et socioéconomique⁷.

La dimension physiologique prendra en compte deux facteurs fortement impliqués dans la vulnérabilité aux vagues de chaleur et a fortiori aux ICU : (i) l'âge (*i.e.* les individus âgés de moins de 10 ans ou de plus de 75 ans étant généralement les plus sensibles aux épisodes de chaleur) et (ii) l'état de santé (*e.g.* affections chroniques, pathologies psychiatriques...) des résident.e.s des ICU. La dimension socio-économique, quant à elle, relève d'une combinaison de facteurs (*e.g.* revenus, logement, niveau de formation, composition des ménages...) que nous analyserons et intégrerons pour créer un indicateur unique facilement applicable par les planificateurs (Bao et al. 2015).

Ce projet fait actuellement l'objet d'un soutien financier de la part de l'Office Français de la Biodiversité, de GPCU, de la Région Nouvelle Aquitaine et de l'Université de Poitiers. Il comprend de nombreux partenaires de différents horizons (i.e. associations naturalistes, collectivités territoriales, laboratoires de recherches et réseaux de recherche régionaux) et se base sur une approche multidisciplinaire (Ecologie, géographie).



⁶ La vulnérabilité physiologique représente la manière dont les caractéristiques d'âge et d'état de santé par exemple peuvent jouer un rôle dans la réponse aux vagues de chaleur.

⁷ La vulnérabilité socio-économique représente l'ensemble des capacités sociales et économiques d'un individu ou d'une communauté à faire face aux menaces extérieures telles que des vagues de chaleur (Bao et al. 2015; Alonso and Renard 2020).

Rôle des espaces agricoles urbains

Alors que les villes continuent de croître aux dépens des zones agricoles et naturelles, l'intérêt pour l'agriculture urbaine (AU) est en hausse. Sa popularité découle de sa capacité à traiter des problèmes spécifiques à la ville incluant la conservation de la nature. En effet, une revue de la biodiversité retrouvée dans ces zones montre que dans des conditions favorables de gestion et d'utilisation des terres environnantes, les zones d'AU seraient capables d'abriter une biodiversité remarquable (Muratet et al. 2008; Mehdi et al. 2012; Robert and Yengué 2017; Glatron 2018). Ainsi, autant ces zones pourraient jouer un rôle de refuge pour la biodiversité, autant elles pourraient aussi proposer des corridors écologiques (en pas japonais par exemple) et améliorer la connectivité écologique du paysage. De plus, les zones d'AU représentent une intéressante "rencontre entre la ville et l'agriculture", notamment en raison des externalités positives telles que les aménités et les fonctions sociales et culturelles (Lovell 2010; Robert and Yengué 2017). Plusieurs définitions de l'AU coexistent, montrant trois points communs : (i) l'emplacement sur un territoire urbain, (ii) l'activité agricole sur la zone et (iii) son inclusion dans les systèmes alimentaires conventionnels ou alternatifs. Cependant, derrière ces critères aux apparences faciles, les définitions sont nombreuses car selon certains auteurs, l'emplacement est difficile à définir compte tenu des difficultés que nous pouvons rencontrer lorsqu'il est question d'établir une délimitation entre le rural et l'urbain. Au niveau des activités menées au sein des AU, là aussi, la diversité des formes agricoles est difficile à définir car on peut retrouver des formes d'AU anciennes (e.g. jardins privés ou collectifs, survenant ou entretenus principalement en période de crise (Duchemin 2013)) et des formes d'AU plus récentes (e.g. (micro)fermes urbaines ou espaces verts). Les activités sont diverses, avec la possibilité de cultiver des légumes, des arbres fruitiers et d'élever des animaux.

Cette étude fait partie d'un projet qui considère les avantages que les AU offrent aux humains, mais aussi aux non humains en tant qu'habitat. Ainsi, dans un premier temps, ce projet prévoit d'estimer le rôle des zones d'AU sur les connectivités écologiques. Dans un deuxième temps, nous prévoyons d'effectuer dans certains espaces d'AU des inventaires de biodiversité (flore et faune (notamment isopodes terrestres)) afin d'estimer la perception de la biodiversité urbaine chez les acteurs et gestionnaires des zones d'AU et ainsi de comparer biodiversité perçue et mesurée.

Ce projet fait actuellement l'objet d'un soutien financier de la part de GPCU et de la Région Nouvelle Aquitaine. Il comprend de nombreux partenaires multidisciplinaires (Ecologie, géographie).



Publication associée :

H. ROYER, J.L. YENGUE, N. BECH (2023) URBAN AGRICULTURE AND ITS BIODIVERSITY: WHAT IS IT AND WHO LIVES THERE? AGRICULTURE, ECOSYSTEMS AND ENVIRONMENT 346: 108342.
[HTTPS://DOI.ORG/10.1016/J.AGEE.2023.108342](https://doi.org/10.1016/j.agee.2023.108342) IF= 6.6.

6. Discussion



En 1995, Claude Combes, biologiste et parasitologue français (1935-2021), publie son livre ; *'Interactions Durables'* dans lequel il décrit les dynamiques d'infection entre hôtes et parasites. Pour illustrer ces propos, Claude Combes désigne et symbolise alors deux filtres à la base de cette dynamique d'infection : le filtre de rencontre et le filtre de compatibilité. Dans ce système, le parasite tend à rencontrer et infecter son hôte - ce qui revient à maintenir les filtres de rencontre et de compatibilité 'ouverts' - alors que l'hôte tend à éviter le parasite et/ou à le repousser lors d'une éventuelle rencontre – ce qui revient à maintenir les filtres de rencontre et/ou de compatibilité 'fermés' (Figure 35).

Quatre cas de figure peuvent se produire :

- Les deux filtres ouverts (seul cas d'infection possible),
- Filtre de rencontre fermé et filtre de compatibilité ouvert.
- Filtre de rencontre ouvert et filtre de compatibilité fermé,
- Les deux filtres fermés.

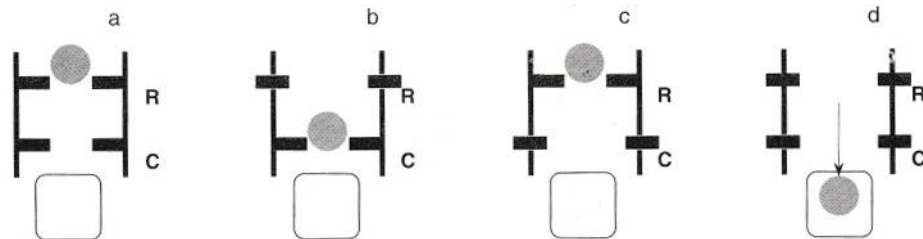
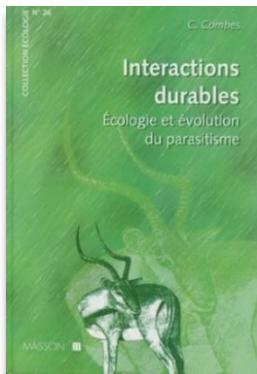


Figure 35 Illustration tirée du livre « Interaction Durables » de Claude Combes (1995) illustrant les filtres de rencontre (R) et de compatibilité (C) et les 4 combinaisons possibles : a) les deux filtres fermés, b) le filtre de rencontre ouvert mais le filtre de compatibilité fermé, c) le filtre de rencontre fermé mais le filtre de compatibilité ouvert et d) les deux filtres ouverts. Le carré représente l'hôte et le rond gris le parasite. A droite couverture du livre « interactions Durables ».

Dans le cadre des travaux de recherche présentés dans ce manuscrit d'*Habilitation à Diriger des Recherches*, l'utilisation combinée de la génétique des populations et des outils SIG ont permis de décrire le fonctionnement des populations étudiées et certaines de leurs menaces. Plus précisément, pour la plupart des organismes étudiés, nos résultats ont décrit la dynamique spatio-temporelle des flux de gènes (*au sens « propagation des gènes dans l'espace et le temps »*), les conséquences évolutives associées et ont proposé des applications dont certaines se sont traduites par des actions de terrain.

Cette partie propose de discuter l'ensemble des résultats obtenus et des conclusions associées au travers du prisme des filtres dits de « rencontre » et de « compatibilité », filtres théorisés et proposés initialement dans le cadre des interactions hôtes-parasites par Claude Combes. J'utiliserai ici ces filtres pour discuter des relations intraspécifiques mais aussi des relations interspécifiques lorsque la reproduction est possible.

- Le filtre de rencontre représentera la capacité de deux individus à se rencontrer. En effet, à l'heure où les écosystèmes connaissent une évolution sensible sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, les habitats sont modifiés. Cela se manifeste par la perte, la dégradation et la fragmentation des habitats et par voie de conséquences par l'isolement géographique d'individus sur plusieurs petits patches d'habitats favorables entourés de zones non favorables (c'est-à-dire des îles biogéographiques) (Wilcove et al. 1998). Ce phénomène contribue à limiter la rencontre entre les individus situés sur différents patchs d'habitats favorables fermant ainsi ce que nous appelons le filtre de rencontre. Dès lors que le filtre de rencontre se ferme, les individus qui ne se croisent plus ont tendance à se différencier génétiquement dans le temps et donc potentiellement à fermer progressivement leur filtre de compatibilité. A l'inverse, les activités anthropiques peuvent aussi déplacer des individus, mimant alors une dispersion forcée, et ainsi diriger intentionnellement, ou pas, la rencontre des individus.
- Le filtre de compatibilité représentera la capacité de deux individus à donner une descendance fertile. En effet, lors de la reproduction sexuée, la fertilité de la descendance peut dépendre de la distance génétique entre les deux parents mais aussi de leur phénologie voire de leur comportement de reproduction (e.g. saison de reproduction)⁸. Ainsi, la reproduction/hybridation entre individus trop différents notamment génétiquement peut rompre des complexes génétiques co-adaptés, réduisant ainsi la valeur sélective de la descendance comme celle des parents (Frankham et al. 2002; Tallmon et al. 2004). A l'inverse, lorsque les parents sont génétiquement proches, l'hybridation peut être bénéfique car elle peut réduire la consanguinité et augmenter la variabilité génétique, créant ainsi de nouvelles combinaisons génomiques avec des hybrides arborant une meilleure valeur sélective que les parents (Seehausen 2004). L'aboutissement de l'hybridation semble donc dépendre de l'aspect « compatible » des parents (i.e. filtre de compatibilité ouvert). Plusieurs issues sont quand même possibles lors de l'hybridation (Figure 36).

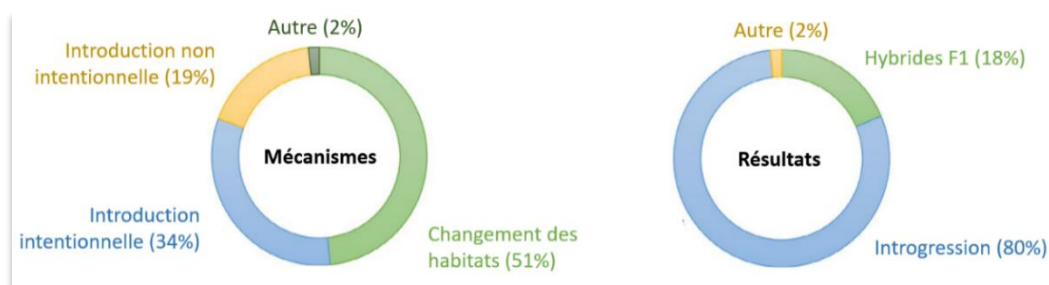


Figure 36 Figure traduite de Ottenburghs et al. 2021. Présentation des mécanismes et des résultats les plus courants issus des hybridations d'origine anthropique - basés sur une revue de la littérature de 2016 à 2020. Le changement d'habitat est le mécanisme le plus répandu derrière les événements d'hybridation induits par l'homme, suivi des déplacements intentionnels et non intentionnels d'organismes. Lorsque l'hybridation est possible, celle-ci aboutit souvent à l'introgression génétique.

⁸ On considère ici qu'il n'y a pas d'isolement reproductif ou que celui-ci est incomplet entre les individus.

Filtres ouverts permettant d'augmenter la diversité génétique

L'étude des flux de gènes et de la diversité génétique des tricots rayés nous a permis d'inférer un événement de colonisation, il y a 10 000 ans, dans le lagon Sud de Nouvelle Calédonie (Bech et al. 2016). La distribution et les flux de gènes au sein du lagon semblent aujourd'hui homogénéisés et maintenus par une nurserie couplée à une dispersion des juvéniles qui ne semblent pas être contraints par l'environnement du lagon. Faisant écho à une absence de structuration génétique retrouvée chez les murènes à lèvres tachetées (Ribout et al. 2018), la géomorphologie du lagon Sud de Nouvelle Calédonie ne semble donc pas entraver la dispersion et la rencontre des individus chez ces deux espèces. Selon notre orientation de discussion, ceci révèle un filtre de rencontre 'ouvert' permettant à tous les individus du lagon et d'une même espèce de se rencontrer. Par ailleurs, l'homogénéité génétique retrouvée chez les deux espèces, couplée à l'inférence d'une expansion de la population des tricots rayés, montre que la reproduction de ces deux espèces au sein du lagon semble favoriser un brassage génétique efficace entre les individus (*i.e.* filtre de compatibilité ouvert entre les individus) (Bech et al. 2016).

Par ailleurs, nos travaux, menés sur l'étude de l'hybridation entre les parasites *S. haematobium* et *S. bovis*, ont montré que l'hybridation était un processus majeur en biologie capable de façonner la diversité génétique lorsque les filtres de rencontre et de compatibilité sont ouverts entre les individus parasites. Ainsi, les parasites s'hybrident lors de leur rencontre au sein de leur hôte définitif qu'ils partagent. Dans ce cas de figure, il faudrait jouer sur les deux filtres pour éviter l'infection et la rencontre des deux espèces de parasites dont l'hybridation pourrait augmenter la pathogénicité *via* une augmentation de la diversité génétique.

D'autres de nos travaux, menés sur l'isopode terrestre *Porcellio dilatatus*, ont montré que la bactérie *Wolbachia*, parasite de la reproduction, était capable d'ouvrir ou fermer le filtre de compatibilité des individus en fonction de leur statut d'infection. Ainsi, l'infection par *Wolbachia* est capable d'entraîner une hybridation génétique entre différentes sous-espèces hôtes alors que des croisements entre deux individus de la même sous-espèce peuvent être empêchés par le statut d'infection des individus.

Ouvrir le filtre de rencontre pour sauver une population en perte de diversité génétique.

Alors que les lagopèdes alpins des Alpes et des Pyrénées semblent s'être différenciés il y a 10 000 ans (Caizergues et al. 2003), les populations pyrénéennes, quant-à elles, ont été divisées plus récemment par la vallée du Sègre qui isole depuis 200-2000 ans une population située en marge orientale de l'aire de distribution (Bech et al. 2013). Le filtre de rencontre s'est donc fermé entre les individus situés de part et d'autre de la vallée. Suite à ce constat et comme évoqué précédemment, nous avons entrepris une opération de repeuplement afin de réhabiliter la diversité génétique et redynamiser le succès de la reproduction de la population isolée. Cette opération a été un franc succès dans la mesure où les individus transloqués se sont reproduits dès la saison de reproduction suivante. A travers ce programme de repeuplement, nous avons donc assisté le flux de gènes en forçant l'ouverture du filtre de rencontre jusque

là fermé par la vallée du Sègre depuis 200-2000 ans (Bech et al. 2013). Deux risques dans ce genre d'opération :

- (i) le premier risque est de transférer des individus ne pouvant pas se reproduire ou donner une descendance fertile avec les individus autochtones compte tenu d'un filtre de compatibilité fermé.
- (ii) Le deuxième risque est de vouloir forcer également le filtre de compatibilité entre les individus et de rompre des complexes génétiques co-adaptés (Dowling and Secor 1997).

Dans notre cas, même si les indices de différenciation génétique de part et d'autre de la vallée sont bien plus faibles que ceux enregistrés entre les deux sous-espèces des Alpes et des Pyrénées, ils demeurent tout de même significatifs (*i.e.* F_{st} moyen ($<_{2010}$) = 0.061). Etant donné que nous avons enregistré au moins 23 descendants provenant de couples 'hybrides', ayant atteint l'âge de se disperser et donc de participer potentiellement à la reproduction au printemps suivant, nous pouvons vraisemblablement écarter le premier risque énoncé plus haut. Concernant le deuxième risque, le fait d'avoir obtenu des individus en génération F2 écarte la possibilité d'une dépression hybride résultant par exemple d'une perturbation épistatique (Tallmon et al. 2004).

Ce plan de conservation a donc forcé l'ouverture du filtre de rencontre entre les lagopèdes alpins de part et d'autre de la vallée mais a bénéficié du filtre de compatibilité resté ouvert compte tenu de l'aspect récent de la séparation des individus par la vallée du Sègre.

Doit-on toujours ouvrir ou laisser ouvert le filtre de rencontre ?

Comme vu précédemment, les iguanes des Petites Antilles (Breuil et al. 2018, 2020, 2022) comme les tortues d'Hermann dans le Var (83) (Bech et al. 2022) font l'objet de lâchers non contrôlés d'individus allochtones au sein des populations sauvages. Pour les iguanes, les individus allochtones proviennent essentiellement du continent *via* une introduction/exploitation d'origine anthropique. Pour les tortues, les individus relâchés proviennent essentiellement d'anciens programmes de repeuplement et, plus récemment, de particuliers qui relâchent leurs tortues reproduites en captivité et appartenant à une sous-espèce différente provenant d'Europe de l'Est (*i.e.* *T. h. boettgeri*). Dans les deux cas, le filtre de rencontre entre les individus autochtones et allochtones était fermé depuis longtemps. Cependant, les activités humaines du dernier siècle ont contribué, jusqu'à aujourd'hui, à réouvrir le filtre de rencontre entre ces individus. Il semble donc légitime de se demander quelle est la compatibilité des croisements entre ces individus séparés depuis longtemps.

Chez les iguanes des petites Antilles, nos résultats ont mis en évidence que les lâchers non contrôlés d'individus allochtones se manifestaient par une hybridation entre les individus sauvages et les individus lâchés. Ce phénomène se retrouve notamment à Sainte Lucie entre *I. delicatissima* et *I. iguana*. Cependant, dans les îles Saintes (*i.e.* Terre de Haut et Terre de Bas) mais aussi à Grande Terre, de tels accouplements ont mené à l'élimination de l'espèce d'iguane indigène *I. delicatissima*. Ce processus se

poursuit actuellement sur Basse-Terre (Breuil 2011, 2013, 2016; Vuillaume et al. 2015). Ce constat laisse à penser que le filtre de compatibilité entre les deux sous-espèces, séparées depuis longtemps, est fermé et ne permet pas une amélioration de la valeur sélective des individus locaux en cas d'hybridation.

En termes de conservation, il semble donc important de refermer le filtre de rencontre en contrôlant les lâchers d'iguanes dans les petites Antilles afin de limiter l'hybridation entre individus autochtones et allochtones et ainsi préserver la signature génétique locale des iguanes.

Chez les tortues d'Hermann du Var (83), nos résultats ont estimé un taux d'introgression génétique d'environ 18% (incluant des hybrides au-delà de la F1) entre les sous-espèces *T. h. hermani* (i.e. espèce autochtone) et *T. h. boettgeri* (i.e. espèce allochtone). Dans ce cas de figure, alors que le filtre de rencontre était fermé entre les deux sous-espèces, le filtre de compatibilité semble s'être maintenu ouvert dans le temps. Cependant, il est difficile de savoir si cette hybridation est préjudiciable pour les populations locales ou si elle pourrait faire l'objet d'un apport de diversité génétique. En effet, il est difficile d'estimer la valeur sélective des individus sauvages et hybrides compte tenu de l'âge à la maturité sexuelle des tortues qui nécessite au moins 8 à 12 ans et de leur longévité d'environ 50 ans (Bertolero et al. 2011). Ce temps long de maturité chez les tortues a d'ailleurs peut-être contribué à limiter la divergence entre les deux sous-espèces et donc à maintenir ouvert le filtre de rencontre. Par ailleurs, en France, d'un point de vue juridique, *T. h. hermanni*, *T. h. boettgeri* et leurs hybrides sont protégés⁹, il n'est donc pas question de dé-introgression (Amador et al. 2014; Bohling 2016). Dans ce contexte, nous avons centré nos recommandations sur l'éducation et les actions sur le terrain dans le but de réduire (bien qu'interdits) les lâchers de tortues issues de la captivité. Suite aux incendies du mois d'août 2021 sur la plaine des Maures dans le Var (83), une grande partie de la population de tortue d'Herman a été décimée et il est difficile maintenant de savoir si les quelques individus autochtones restants pourraient, eux seuls, représenter et refonder une population de tortue d'Hermann (*T. hermanni hermanni*) dans le Var. Ceci est d'autant plus difficile à prédire que (i) l'âge de la première reproduction des tortues d'Hermann arrive vers 10-12 ans et (ii) que, dans ce laps de temps, les pressions sur leur habitat ne cesseront de grandir (e.g. pressions foncières et agricoles, risques incendies...). Néanmoins, suite à la catastrophe, des mesures de conservation ont été entreprises et la population de tortue de la plaine des Maures a été renforcée avec des individus *T. hermanni hermanni* et dont le profil génétique a été déterminé à l'aide des méthodes que nous avons mis en œuvre dans Bech et al (2022).

*En termes de conservation et par principe de précaution, il semble logique de limiter le filtre de rencontre en contrôlant les lâchers de tortues issues notamment de la captivité. Cependant, compte tenu du fort taux de mortalité dû aux incendies sur la zone et du faible nombre d'individus *T. h. hermanni* restant, il se pourrait que les tortues issues de la captivité constituent, à terme, les seules représentantes des tortues que l'on retrouvera dans la plaine des Maures.*

⁹ <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000043113964>

Chez la perdrix grises des Pyrénées, nos résultats ont montré un filtre de compatibilité ouvert chez la perdrix grise en France suite à l'hybridation entre la sous-espèce locale de montagne (*P.p. hispaniensis*) et des individus lâchés à des fins cynégétiques appartenant à la sous-espèce de plaine (*P. p. armoricana*) (Bech et al. 2020). Ces deux sous-espèces se seraient séparées en France lors du réchauffement des températures il y a 10 000 ans pour trouver des conditions climatiques en accord avec leurs exigences écologiques, soit plus en altitude dans les Pyrénées, soit dans des latitudes plus nordiques au-dessus du 45^{ème} parallèle. Depuis, et avant les lâchers d'origine anthropique, le filtre de rencontre était fermé par une bande située entre le piedmont des Pyrénées au Sud et le 45^{ème} parallèle. Concernant le filtre de compatibilité, à titre d'exemple sur les perdrix du genre *Alectoris*, la bibliographie montre que la perdrix rouge en Espagne (*A. rufa*) est menacée par des lâchers d'individus *A. chukar* avec qui elle s'hybride (Casas et al. 2012). Dans notre cas, compte tenu des exigences écologiques différentes (écotype de plaine vs écotype de montagne), tout porte à croire également que l'hybridation entre ces deux sous-espèces n'augmente pas la valeur sélective de la population locale. Dans les Pyrénées françaises, notre étude a contribué à maintenir l'arrêt des lâchers de perdrix d'élevage au sein des populations sauvages et donc à refermer le filtre de rencontre entre les deux sous-espèces dans les Pyrénées.

En termes de conservation, il semble important de laisser fermer le filtre de rencontre entre les individus des deux sous-espèces au risque d'obtenir une descendance arborant une moindre valeur sélective que les parents.

Conclusion

Dans le cadre des travaux de recherche présentés et des résultats associés, il semble légitime de se demander pourquoi, à des fins de conservation, nous avons privilégié la réouverture du filtre de rencontre chez les lagopèdes alpins des Pyrénées alors que les autres recommandations préconisent plutôt la fermeture de ce même filtre chez la perdrix grises des Pyrénées, la tortue d'Hermann dans le Var et les iguanes des petites Antilles (Tableau 3).

Modèles étudiés	Préconisations de conservation
Lagopèdes alpins des Pyrénées (Bech et al. 2013)	Renforcement de population à partir d'une translocation d'individus venus d'ailleurs.
Perdrix grises des Pyrénées (Bech et al. 2020)	Arrêt des lâchers à des fins cynégétiques.
Tortue d'Hermann dans le Var (Bech et al. 2022)	Contrôle des lâchers d'individus en vue de limiter l'hybridation.
Iguanes des petites Antilles (Breuil et al. 2018, 2020, 2022)	Contrôle des lâchers d'individus en vue de limiter l'hybridation.

Tableau 3 Pratiques de conservation préconisées ou mises en œuvre pour les modèles étudiés.

Un élément de réponse se trouve dans le filtre de compatibilité dont l'ouverture ou la fermeture semble pouvoir orienter la décision de l'ouverture ou de la fermeture du filtre de rencontre. En effet, derrière l'aspect conceptuel du filtre de compatibilité se trouve la différenciation génétique des individus. Dans le cadre des plans de renforcement des populations, il est attendu que les lâchers d'individus porteurs de nouveaux allèles potentiels augmentent la diversité génétique (et la valeur sélective) de la population cible en restaurant les variations adaptatives et en éliminant les effets

possibles de la consanguinité. Cependant, les lâchers d'individus provenant de stocks non locaux (> comme c'est le cas pour la perdrix grise des Pyrénées) ou d'individus trop éloignés génétiquement (> comme c'est le cas pour la tortue d'Hermann dans le Var et les iguanes des petites Antilles) pourraient, au contraire, entraîner des pertes d'adaptations génétiques locales chez les populations cibles qui pourraient alors faire face à une dépression dite d'« outbreeding ». Dans ce cas, les descendants hybrides ont une valeur sélective inférieure à celle de leurs parents (Sutherland et al. 2006 ; Randi 2008).

Si la différenciation génétique entre les individus à reconnecter est trop importante alors le risque de croisements incompatible est grand. A l'inverse une différenciation génétique faible amoindrit les risques d'incompatibilité entre individus. Cette dépression d'« outbreeding » peut apparaître lorsque les différences génétiques entre les populations source et cible sont trop importantes. De telles différences peuvent résulter de l'effet combiné d'une dérive génétique et de la disparition d'adaptations spécifiques qui se sont produites au cours du processus évolutif des individus (Randi 2008). Dans la mesure du possible, un compromis doit être trouvé entre le maintien de la diversité génétique, d'une part, et le risque de dépression d'« outbreeding », d'autre part, afin d'assurer le succès des programmes de repeuplement.

Ces considérations font partie de l'évaluation des risques qui devraient être pris en compte avant la mise en œuvre d'un programme de repeuplement (UICN/SSC 2013). Ainsi, le défi réside dans la recherche d'une "population source" suffisamment différente pour réhabiliter la diversité génétique de la population cible, sans être incompatible et causer une dépression d'« outbreeding » chez les descendants hybrides. Ce compromis peut constituer un vrai défi lorsque les individus relâchés proviennent de centres de reproduction ou d'élevages. En effet, les stocks en captivité sont généralement fondés avec quelques individus dont le patron génétique n'est pas bien caractérisé. De plus, quelle que soit l'origine des fondateurs, la consanguinité et la dérive génétique en élevage augmentent avec les générations successives et sont susceptibles de modifier la signature génétique des stocks en captivité. La divergence génétique semble donc conditionner le succès des croisements entre individus. La divergence génétique dépend du temps de génération et du taux de mutation génétique des individus qui peuvent varier d'une espèce à l'autre. Ainsi, chez la tortue d'Hermann qui présente un âge à la maturité situé entre 8 et 12 ans, la divergence génétique ne semble pas suffisante pour rendre incompatibles les croisements entre *T.h. hermanni* et *T. h. boettgeri*. Au contraire, pour une espèce présentant un taux de mutation génétique élevé et un accès rapide à la maturité, nous pouvons nous attendre à une fermeture rapide du filtre de compatibilité du moins si le filtre de rencontre entre les individus se ferme.

Même si le taux de divergence génétique peut être estimé à l'aide d'indices de différenciation génétique, il ne reflète pas toujours exactement la compatibilité des croisements entre individus. En effet, les indices de différenciation génétique sont souvent estimés à partir d'une sélection de marqueurs moléculaires ne représentant pas l'intégralité du génome des individus. Et, la compatibilité entre individu peut dépendre de seulement certaines régions du génome impliquées dans l'isolement

reproducteur, on parle alors de « gènes barrières » (ou de régions génomiques appelées : îlots de différenciation) (Ottenburghs 2021). Ces régions barrières peuvent être portées par un seul ou de nombreux gènes. Ainsi, si ces régions sont protégées du flux de gènes lors des croisements, alors le restant du génome peut s'introgresser générant ainsi des niveaux de diversité génétique variés entre populations. Cependant, caractériser les loci barrières nécessite des travaux génomiques importants et de nombreux croisements expérimentaux (Wolf and Ellegren 2017; Ottenburghs 2021). La difficulté à prédire avec précision la compatibilité entre individus souligne les défis pour anticiper les interactions hybrides et pour mettre en œuvre des mesures de conservation adaptées.

Concept d'espèce biologique et conservation

Aujourd'hui, la description et la protection de la biodiversité passent nécessairement par l'utilisation de la notion d'espèce. Ainsi, sur le site de l'[UICN](#), nous pouvons voir que cet organisme réalise le suivi des espèces et des écosystèmes afin de guider les politiques et les actions visant à protéger et restaurer le monde vivant. Plus précisément, l'une des missions de l'UICN est de déterminer un statut de protection pour chaque espèce en vue de protéger les plus vulnérables. Cependant, selon le critère retenu (e.g. morphologique, géographique...), il existe plus d'une vingtaine de définitions au terme d'espèce (Frankham et al. 2002). Ainsi c'est le « concept d'espèce biologique » mettant l'accent sur l'isolement reproductif entre les individus (Mayr, 1963) qui fait foi en biologie de la conservation. Ce concept considère ainsi que deux individus appartiennent à la même espèce si leur reproduction aboutit à une descendance fertile. On retrouve finalement dans cette définition les filtres de rencontre et de compatibilité énoncés précédemment. Alors que la plupart des individus se retrouvent dans ce « concept biologique d'espèce », certains cas de figure déjouent cette règle. En effet, sur la base de cette définition, il est difficile d'intégrer les individus n'effectuant pas de reproduction sexuée ou étant stériles dans ce concept biologique d'espèce. De la même façon, il est difficile de faire rentrer les individus hybrides dans ce concept biologique d'espèce sachant qu'ils peuvent être issus d'un croisement entre parents appartenant à deux espèces différentes. Dans ce dernier cas, il semble légitime de se demander si les individus hybrides, non rattachés à une espèce, possèdent un statut de conservation.

Selon l'UICN, si l'une ou les deux espèces parentales sont menacées alors la protection légale des individus hybrides n'est pas conseillée et des efforts de conservation devraient plutôt être mis en œuvre en faveur des populations parentales menacées. De la même façon, en France, les individus hybrides ne bénéficient pas d'une protection spécifique en tant qu'entités distinctes. En effet, la plupart des lois sur la conservation de la biodiversité en France sont axées sur la protection des espèces et de leurs habitats naturels. Cependant, le code de l'environnement français stipule que les individus issus d'une hybridation, impliquant une espèce protégée sur le territoire, bénéficient d'une protection légale uniquement s'ils sont capables de se reproduire. De la même manière, d'autres organisations de protection tiennent compte des hybrides ou fournissent des directives sur la manière de traiter l'hybridation (Jackiw et al. 2015). A titre d'exemple, la Convention sur le commerce international des espèces

de faune et de flore sauvages menacées d'extinction (CITES) a inclus certains hybrides parmi les espèces menacées d'extinction ou celles qui deviendront menacées sans contrôle commercial. Ainsi, dans notre cas de figure, les tortues hybrides issues du croisement entre *T. h. hermanni* et *T. h. boettgeri* sont protégées par la convention CITES alors que les hybrides issus du croisement entre *P. p. hispaniensis* et *P. p. armoricana* ne le sont pas. Ces propos montrent clairement qu'il existe encore d'importantes disparités dans les efforts de conservation concernant les hybrides entre différents pays et organisations mais aussi selon les espèces et leurs intérêts patrimoniaux, cynégétiques ou autre. Cela étant dit, ces disparités semblent être la conséquence de l'aspect imprévisible de l'hybridation qui peut aussi bien représenter une menace qu'une opportunité écologique et évolutive.

Fondamentalement, le problème pourrait se situer plus en amont dans l'approche segmentée du vivant que sous-entend le concept d'espèce biologique et sur lequel se fonde la biologie de la conservation. En effet, on considère l'hybridation comme étant le résultat du croisement entre deux individus appartenant à deux espèces différentes. Pourtant, comme évoqué précédemment, le concept même d'espèce reste flou et difficile à définir. Cette difficulté vient, au moins en partie, du fait que l'évolution du vivant est continue, comme l'a énoncée Charles Darwin et non segmentée comme le sous-entend le terme d'« espèce ». L'aberration d'une approche catégorielle pour décrire le vivant pourrait justifier la multitude de définitions employées pour décrire le terme espèces. D'ailleurs, force est de constater que malgré ces moultes définitions, le terme « espèce » ne peut pas expliquer à lui-seul la variabilité du vivant à toutes les échelles et que pour pallier cela, nous avons recours à d'autres termes, également à géométrie variable, pour tenter d'expliquer les variations du vivant à plus petite échelle (*e.g.* sous-espèces, populations...) ou à plus grande échelle (*e.g.* taxon, genre...).

D'ailleurs, il est assez intéressant de voir qu'il existe également une vingtaine de définitions au terme population.

Finalement, le concept d'espèce en tant que construction de l'Homme ne répond pas forcément à une entité matérielle réelle. Alors que l'espèce est une unité fondamentale en écologie et dans l'étude de la biodiversité, la véritable unité d'évolution est l'individu voire le gène. Dans ce contexte, l'essor de la génomique pourrait orienter la biologie de la conservation vers la préservation de certains gènes (*i.e.* loci adaptatifs) et/ou du maintien de la diversité génétique qui apparaît indispensable dans un contexte de changements globaux. La génomique vient donc logiquement s'inscrire parmi les différentes disciplines visant à conserver la biodiversité. Cependant, comme l'évoque Shafer *et al.* (2015), la génération de données génomiques et les analyses et interprétations qui en découlent sont encore principalement limitées à la recherche académique en écologie et en évolution. Ceci contribue, malheureusement, à renforcer les barrières entre la recherche fondamentale et les solutions applicables pour les gestionnaires de la conservation confrontés à des problèmes complexes (Arlettaz *et al.* 2010). Dans le cadre d'un projet de recherche que je mène actuellement sur les corridors écologiques, je vais avoir

l'occasion de traiter des données génomiques (SNP) en vue de déterminer des flux génétiques et ainsi d'orienter le dessin de corridors écologiques directement sur le terrain. J'espère que cette étude saura relever le défi de la transférabilité des résultats de génomique vers des applications sur le terrain. Ceci pourra être facilité par l'étroite collaboration que je m'efforce de maintenir dans mes activités de recherche avec les acteurs de terrain, qu'ils soient gestionnaires, politiques ou membres d'associations naturalistes. En effet, pour la plupart, nés de la communication entre différents acteurs de la biodiversité, mes travaux de recherche tentent d'allier recherche fondamentale et recherche appliquée, articles à comité de lecture et articles de vulgarisation, conférences internationales et réunions naturalistes, le tout pour moi à la fois indispensable et indissociable pour la conservation de la biodiversité.

7. Références bibliographiques

- Adamo M, Sousa R, Wipf S, et al (2022) Dimension and impact of biases in funding for species and habitat conservation. *Biol Conserv*
- A.D.P.H. (1982) Hommes et troupeaux des Pyrénées. Images des Hautes-Pyrénées. Archives Départementale des Hautes Pyrénées. Tarbes 89p.
- Alamany O, De Juan Monzon A (1983) Le grand tétras (*Tetrao urogallus*) et le lagopède (*Lagopus mutus*) dans les Pyrénées orientales ibériques. *Acta Biol Mont* 2–3:363–381
- Allendorf FW, Leary RF, Spruell P, Wenburg JK (2001) The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends Ecol Evol* 16:613–622
- Alonso L, Renard F (2020) A Comparative Study of the Physiological and Socio-Economic Vulnerabilities to Heat Waves of the Population of the Metropolis of Lyon (France) in a Climate Change Context. *Int J Environ Res Public Health* 17:1004.
- Amador C, Hayes BJ, Daetwyler HD (2014) Genomic selection for recovery of original genetic background from hybrids of endangered and common breeds. *Evol Appl* 7:227–237.
- Andrieu D, Perdereau E, Robinet C, et al (2017) Géographie des termites souterrains en région Centre-Val de Loire : le risque d’une espèce invasive. *Cybergeog Eur J Geogr*.
- Arlettaz R, Schaub M, Fournier J, et al (2010) From Publications to Public Actions: When Conservation Biologists Bridge the Gap between Research and Implementation. *BioScience* 60:835–842.
- Auliya M, Altherr S, Ariano-Sanchez D, et al (2016) Trade in live reptiles, its impact on wild populations, and the role of the European market. *Biol Conserv* 204:103–119.
- Ballouard J, Bonnet X, Jourdan J, et al (2022) First detection of herpesvirus and prevalence of mycoplasma infection in free-ranging Hermann’s tortoises (*Testudo hermanni*), and in potential pet vectors. *Peer Community J* 2:.
- Ballouard J-M, Conord M, Johany A, et al (2020) Is popularity a double-edged sword? Children want to protect but also harvest tortoises. *J Environ Educ* 51:347–360.
- Bao J, Li X, Yu C (2015) The Construction and Validation of the Heat Vulnerability Index, a Review. *Int J Environ Res Public Health* 12:7220–7234.
- Barron ES, Chaudhary RP, Ribeiro SC, et al (2022) IPBES Sustainable Use of Wild Species Assessment - Chapter 3. Status of and trends in the use of wild species and its implications for wild species, the environment and people. Zenodo
- Barton NH (2001) The role of hybridization in evolution. *Mol Ecol* 10:551–568

Baudouin G, Bech N, Bagnères A-G, Dedeine F (2018) Spatial and genetic distribution of a north American termite, *Reticulitermes flavipes*, across the landscape of Paris. *Urban Ecosyst* 21:751–764.

Baudouin G, Dedeine F, Bech N, et al (2017) An American termite in Paris: temporal colony dynamics. *Genetica* 145:491–502.

Becat J (1977) Atlas de Catalunya Nord. Terra Nostra 212p.

BECH N (2010) Génétique de la conservation et du paysage : étude des populations de lagopède alpin et de perdrix grise en France

Bech N, Barbu CM, Quéméré E, et al (2013) Pyrenean ptarmigans decline under climatic and human influences through the Holocene. *Heredity* 111:402–409.

Bech N, Beltran-Bech S, Chupeau C, et al (2021) Experimental evidence of *Wolbachia* introgressive acquisition between terrestrial isopod subspecies. *Curr Zool* 67:455–464.

Bech N, Boissier J, Drovetski S, Novoa C (2009) Population genetic structure of rock ptarmigan in the ‘sky islands’ of French Pyrenees: implications for conservation. *Anim Conserv* 12:138–146

Bech N, Depeux C, Durand S, et al (2017) When GIS zooms in: spatio-genetic maps of multipaternity in *Armadillidium vulgare*. *Genetica* 145:503–512.

Bech N, Foucart T, Fauvel T, et al (2016) Phenotypic variation contrasts with genetic homogeneity across scattered sea snake colonies. *J Biogeogr* 43:1573–1582.

Bech N, Nivelles D, Caron S, et al (2022) Extent of introgressive hybridization in the Hermann’s tortoise (*Testudo hermanni hermanni*) from the south of France. *Eur J Wildl Res* 68:37.

Bech N, Novoa C, Allienne J-F, et al (2020) Quantifying genetic distance between wild and captive strains of the grey partridge *Perdix perdix* in France: conservation implications. *Biodivers Conserv* 29:609–624.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, et al (1996) GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Lab Génome Popul Interact CNRS UMR 5000 Univ Montp II France

Benítez-López A, Alkemade R, Verweij PA (2010) The impacts of roads and other infrastructure on mammal and bird populations: A meta-analysis. *Biol Conserv* 143:1307–1316.

Bertolero A, carretero M, Llorente G, et al (1995) The importance of introductions in species conservation: the case of *Testudo hermanni* in the Ebro Delta Natural Park (NE Spain). *Proc Int Congr Chelonian Conserv* 187–191

Bertolero A, Cheylan M, Hailey A, et al (2011) *Testudo hermanni* (Gmelin 1789)—Hermann’s tortoise. *Con-servation biology of freshwater turtles and tortoises: a*

compilation project of the IUCN/SSC Tortoise and Freshwater Turtle Specialist Group. Chelonian Research Monographs 5:059–061. 5:59–61

Biek R, Real LA (2010) The landscape genetics of infectious disease emergence and spread. *Mol Ecol* 19:3515–3531.

Birkan M (1971) Réussite des lâchers de perdrix grise (*Perdix perdix*) et de perdrix rouge (*Alectoris rufa*) d'élevage. *Bull Cons Supér Chasse* 15:44–56

Birkan M, Jacob M (1988) La perdrix grise. (ed Hatier), 284. Paris

Blanc P, Ledème P, blanc C-P (1986) variation géographique de la diversité génétique chez la perdrix grise (*Perdix perdix*). *Gibier Faune Sauvage* 3:5–41

Bohling JH (2016) Strategies to address the conservation threats posed by hybridization and genetic introgression. *Biol Conserv* 203:321–327

Bonnet X, Brischoux F, Bonnet C, et al (2014) Coastal Nurseries and Their Importance for Conservation of Sea Kraits. *PLOS ONE* 9:e90246.

Bonnet X, Shine R, Lourdais O (2002) Taxonomic chauvinism. *Trends Ecol Evol* 17:1–3.

Bouysse P, Garrabé F (1984) Neogene tectonic Evolution of the Limestone Caribbees in the Guadeloupe Archipelago. *Comptes Rendus Académie Sci Paris Sér I* 298:763–766

Bouzat JL, Cheng HH, Lewin HA, et al (1998) Genetic evaluation of a demographic bottleneck in the greater prairie chicken. *Conserv Biol* 12:836–843

Braquart-Varnier C, Lachat M, Herbinière J, et al (2008) *Wolbachia* Mediate Variation of Host Immunocompetence. *PLOS ONE* 3:e3286.

Braun C, Taylor W, Ebert S, et al (2011) Protocols for successful translocation of ptarmigan. - In R. T. Watson, T. J. Cade, M. Fuller, G. Hunt, and E. Potapov (Eds.). *Gyrfalcons and Ptarmigan in a Changing World*. The Peregrine Fund, Boise, Idaho, USA.

Breuil M (2002) Histoire naturelle des Amphibiens et Reptiles terrestres de l'archipel Guadeloupéen : Guadeloupe et dépendances, Saint-Martin, Saint-Barthélemy. *Patrim Nat IEGB SPN MNHN* 1–339

Breuil M (2009) The terrestrial herpetofauna of Martinique: Past, present, future. *Appl Herpetol* 6:123–149.

Breuil M (2013) Caractérisation morphologique de l'iguane commun *Iguana iguana* (Linnaeus, 1758), de l'iguane des Petites Antilles *Iguana delicatissima* Laurenti, 1768 et de leurs hybrides. *Bull Société Herpétologique Fr* 147:309–346

Breuil M (2016) Morphological characterization of the common iguana *Iguana iguana* (Linnaeus, 1758), of the Lesser Antillean iguana *Iguana delicatissima* Laurenti, 1768 and of their hybrids. Same paper as Breuil 2013, translated into English, by the International Reptile Conservation Foundation (IRCF). *International Reptile Conserv Found Tucson Ariz* 1–37

Breuil M (2003) In the footsteps of French Naturalists, a “Battle” of Iguanas and “Improvements” in Biodiversity. In: Henderson, R.W. & Powell, R. (Eds.), *Islands and the Sea: Essays on Herpetological Exploration in the West Indies. Contributions to Herpetology*. Vol. 20. Society for the Study of Amphibians and Reptiles, Ithaca, New York, pp. 255–270.

Breuil M (2011) The Terrestrial Herpetofauna Of Martinique: Past, Present, Future. In: *Conservation of Caribbean Island Herpetofaunas Volume 2: Regional Accounts of the West Indies*. Brill, pp 311–338

Breuil M, Schikorski D, Vuillaume B, et al (2020) Painted black: *Iguana melanoderma* (Reptilia, Squamata, Iguanidae) a new melanistic endemic species from Saba and Montserrat islands (Lesser Antilles). *ZooKeys* 926:95–131.

Breuil M, Schikorski D, Vuillaume B, et al (2022) *Iguana insularis* (Iguanidae) from the southern Lesser Antilles: An endemic lineage endangered by hybridization. *ZooKeys* 1086:137–161.

Breuil M, Vuillaume B, Schikorski D, et al (2018) A story of nasal horns: A new species of Iguana Laurenti, 1768 (Squamata, Iguanidae) in Saint Lucia, St Vincent & the Grenadines, and Grenada (Southern Lesser Antilles) and its implications for the taxonomy of the genus *Iguana*.

Bro E, Mayot P (2006) Opérations de reconstitution des populations de perdrix grises et de perdrix rouges en France. Bilan quantitatif et acquis techniques. *Faune Sauvage* 274:6–24

Bro E, Reitz F, Mayot P, Landry P (2006) Conservation de la Perdrix grise : la France au premier rang. Bilan des 10 dernières années de suivi des populations. *Faune Sauvage* 272:22–30

Bro E, Reitz F, Mayot P, Millot F (2009) La perdrix grise : état des lieux et outils de gestion. *Faune Sauvage* n°286:18–24

Caizergues A, Bernard-Laurent A, Brenot JF, et al (2003) Population genetic structure of rock ptarmigan *Lagopus mutus* in Northern and Western Europe. *Mol Ecol* 12:2267–2274

Casas F, Mougeot F, Sánchez-Barbudo I, et al (2012) Fitness consequences of anthropogenic hybridization in wild red-legged partridge (*Alectoris rufa*, Phasianidae) populations. *Biol Invasions* 14:295–305.

Celse J, Catard A, Caron S, et al (2017) Plan National d’Action Tortue d’Hermann 2017-2026. Conservatoire d’espaces naturels de Provence-Alpes-Côte d’Azur. Le Luc

Censky EJ, Hodge K, Dudley J (1998) Over-water dispersal of lizards due to hurricanes. *Nature* 395:556–556.

- Chebbi MA, Becking T, Moumen B, et al (2019) The Genome of *Armadillidium vulgare* (Crustacea, Isopoda) Provides Insights into Sex Chromosome Evolution in the Context of Cytoplasmic Sex Determination. *Mol Biol Evol* 36:727–741.
- Chevalier M (1980) La vie humaine dans les Pyrénées ariégeoises. Ed Resonances 1056p
- Cheylan M (2001) Cheylan, M. (2001). *Testudo hermanni* Gmelin, 1789. Griechische Landschildkröte Handb Reptil Amphib Eur 3:179–289
- Cheylan M (1984) The true Status and Future of Hermann's Tortoise *Testudo hermanni robertmertensi* WERMUTH 1952 in Western Europe. *Amphib-Reptil* 5:17–26.
- Chitsulo L, Engels D, Montresor A, Savioli L (2000) The global status of schistosomiasis and its control. *Acta Trop* 77:41–51.
- Cordaux R, Gilbert C (2017) Evolutionary Significance of *Wolbachia*-to-Animal Horizontal Gene Transfer: Female Sex Determination and the f Element in the Isopod *Armadillidium vulgare*. *Genes* 8:186.
- Cordaux R, Michel-Salzat A, Frelon-Raimond M, et al (2004) Evidence for a new feminizing *Wolbachia* strain in the isopod *Armadillidium vulgare*: evolutionary implications. *Heredity* 93:78–84.
- CSRPN (2013) Liste rouge des oiseaux nicheurs de la région Centre. 5
- Daltry JC (2009) The Status and Management of Saint Lucia's Forest Reptiles and Amphibians
- Depeux C, Samba-Louaka A, Braquart-Varnier C, et al (2018) Temperature and photoperiod influence survival and biomarkers of senescence in common woodlouse
- Descola P (2001) Par-delà la nature et la culture. *Le Débat* 114:86–101.
- Devaux B (1990) Réintroduction de tortues d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) dans le massif des Maures. Colloque Sur Les Réintroductions et renforcements d'espèces animales en France 6–8 décembre
- Djuikwo-Teukeng FF, Kouam Simo A, Allienne J-F, et al (2019) Population genetic structure of *Schistosoma bovis* in Cameroon. *Parasit Vectors* 12:56.
- Dowling TE, Secor CL (1997) The Role of Hybridization and Introgression in the Diversification of Animals. *Annu Rev Ecol Syst* 28:593–619.
- Dronnet S, Chapuisat M, Vargo EL, et al (2005) Genetic analysis of the breeding system of an invasive subterranean termite, *Reticulitermes santonensis*, in urban and natural habitats. *Mol Ecol* 14:1311–1320.
- Duchemin E (2013) Agriculture urbaine d'hier à aujourd'hui : une typologie. Collectif, Agriculture urbaine : aménager et nourrir la ville. 17–92

Dufer M, Petros B, Erko B, et al (2014) *Schistosoma mansoni* Infection in Fincha Sugar Estate: Public health Problem Assessment based on Clinical Records and Parasitological Surveys, Western Ethiopia. *Sci Technol Arts Res J* 3:155–161.

Durand S, Lheraud B, Giraud I, et al (2023) Heterogeneous distribution of sex ratio distorters in natural populations of the isopod *Armadillidium vulgare*. *Biol Lett* 19:20220457.

Earl DA, vonHoldt BM (2012) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv Genet Resour* 4:359–361.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE : a simulation study. *Mol Ecol* 14:2611–2620

Fahrig L, Baudry J, Brotons L, et al (2011) Functional landscape heterogeneity and animal biodiversity in agricultural landscapes. *Ecol Lett* 14:101–112.

Fazey I, Fischer J, Lindenmayer DB (2005) What do conservation biologists publish? *Biol Conserv* 124:63–73.

Frankham R, Ballou J, Briscoe D (2002) *Introduction to Conservation Genetics*. Camb Camb Univ Press

Fritz U, Auer M, Bertolero A, et al (2006) A rangewide phylogeography of Hermann's tortoise, *Testudo hermanni* (Reptilia : Testudines : Testudinidae): implications for taxonomy. *Zool Scr* 35:531–543

Germa A (2008) *Évolution volcano-tectonique de l'île de la Martinique (Arc insulaire des Petites Antilles) : Nouvelles contraintes géochronologiques et géomorphologiques.*, Thèse de Doctorat (PhD), Université Paris, Paris

Glatron S (2018) A New Design for Urban Gardens: Being Framed in the Green Infrastructure. In: Glatron S, Granchamp L (eds) *The Urban Garden City : Shaping the City with Gardens Through History*. Springer International Publishing, Cham, pp 187–215

Guillot G, Mortier F, Estoup A (2005) Geneland: A program for landscape genetics. *Mol Ecol Notes* 5:712–715

Guitart SS, Cassaing J (2000) Suivis de perdrix grises (*Perdix perdix*) d'élevage utilisées pour le renforcement de populations de montagne de *P.p. hispaniensis*. *Vie Milieu* 50:39–43

Guyot G, Pritchard P (1999) First record of introduced eastern Mediterranean tortoises, *Testudo hermanni boettgeri*, in southern France. *Chelonian Conserv Biol* 3:518–520

Halder B, Bandyopadhyay J, Banik P (2021) Monitoring the effect of urban development on urban heat island based on remote sensing and geo-spatial approach in Kolkata and adjacent areas, India. *Sustain Cities Soc* 74:103186

Heaviside C, Macintyre H, Vardoulakis S (2017) The urban heat island: implications for health in a changing environment. *Curr Environ Health Rep* 4:296–305

Herricks JR, Hotez PJ, Wanga V, et al (2017) The global burden of disease study 2013: What does it mean for the NTDs? *PLoS Negl Trop Dis* 11:e0005424.

Hoffman RW, Giesen KM (1983) Demography of an introduced population of white-tailed ptarmigan. *Can J Zool* 61:1758–1764.

IUCN (2004) *Testudo hermanni*: van Dijk, P.P., Corti, C., Mellado, V.P. & Cheylan, M.: The IUCN Red List of Threatened Species 2004: e.T21648A9306057 (International Union for Conservation of Nature).

Jackiw RN, Mandil G, Hager HA (2015) A framework to guide the conservation of species hybrids based on ethical and ecological considerations. *Conserv Biol* 29:1040–1051.

Jamie L (2007) Nonhuman Charisma. <https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1068/d71j>. Accessed 23 Sep 2023

Kaler RSA, Ebbeert SE, Braun CE, Sandercock BK (2010) Demography of a reintroduced population of evermann's rock ptarmigan in the Aleutian Island. *Wilson J Ornithol* 122:1–14

Karns DR, O'Bannon A, Voris HK, Weigt LA (2000) Biogeographical implications of mitochondrial DNA variation in the Bockadam snake (*Cerberus rynchops*, Serpentes: Homalopsinae) in Southeast Asia. *J Biogeogr* 27:391–402.

Kebede T, Bech N, Allienne J-F, et al (2020) Genetic evidence for the role of non-human primates as reservoir hosts for human schistosomiasis. *PLoS Negl Trop Dis* 14:e0008538.

Kraus F (ed) (2009) Appendices. In: *Alien Reptiles and Amphibians: A Scientific Compendium and Analysis*. Springer Netherlands, Dordrecht, pp 133–369

Lane A, Shine R (2011) Phylogenetic relationships within laticaudine sea snakes (Elapidae). *Mol Phylogenet Evol* 59:567–577.

Lazell J (1973) The lizard genus iguana in th lesser Antilles.

Lecq S, Ballouard J-M, Caron S, et al (2014) Body condition and habitat use by Hermann's tortoises in burnt and intact habitats. *Conserv Physiol* 2:cou019.

Leger E, Garba A, Hamidou AA, et al (2016) Introgressed Animal Schistosomes *Schistosoma curassoni* and *S. bovis* Naturally Infecting Humans. *Emerg Infect Dis J* 22:2212–4.

- Leger E, Webster JP (2017) Hybridizations within the Genus *Schistosoma*: implications for evolution, epidemiology and control. *Parasitology* 144:65–80.
- Lescourret F (1988) Eléments de répartition de la perdrix grise (*Perdix perdix hispaniensis* Reichenow) dans les Pyrénées françaises. *Gibier Faune Sauvage* 5:123–148
- Lescourret F, Catusse M (1987) Que sait-on aujourd’hui sur la perdrix grise des Pyrénées. (*Perdix perdix hispaniensis*, Reichenow 1892) ? *Bull Mens Off Natl Chasse* 116:30–37
- Liukkonen-Anttila T, Uimaniemi L, Orell M, Lumme J (2002) Mitochondrial DNA variation and the phylogeography of the grey partridge (*Perdix perdix*) in Europe: from Pleistocene history to present day populations. *J Evol Biol* 15:971–982
- Lovell ST (2010) Multifunctional Urban Agriculture for Sustainable Land Use Planning in the United States. *Sustainability* 2:2499–2522.
- Martin JF, Novoa C, Blanc-Manel S, Taberlet P (2003) Les populations de perdrix grise des Pyrénées (*Perdix perdix hispaniensis*) ont-elles subi une introgression génétique à partir d’individus d’élevage? Analyse du polymorphisme de l’ADN mitochondrial. *Actes Bur Ressor Génétiques* 4:115–126
- Martins AV (1958) Non-human vertebrate hosts of *Schistosoma haematobium* and *Schistosoma mansoni*. *Bull World Health Organ* 18:931–944
- Mayot P, Sautereau L, Baron V, et al (2012) Repeupler avec des perdreaux gris de souche sauvage nés et élevés en captivité serait-il plus efficace ? *Faune Sauvage* 297:4–9
- McDougal J (2000) Conservation of tortoises and terrestrial turtles. *Smithson Inst Press Wash Lond* 180–206
- McNie EC (2007) Reconciling the supply of scientific information with user demands: an analysis of the problem and review of the literature. *Environ Sci Policy* 10:17–38.
- Mehdi L, Weber C, Pietro FD, Selmi W (2012) Évolution de la place du végétal dans la ville, de l’espace vert à la trame verte. *VertigO - Rev Électronique En Sci Environ*.
- Michaud C, Chupeau C, Bech N, et al (2016) Isolation, characterization and PCR multiplexing of microsatellite loci for two sub-species of terrestrial isopod *Porcellio dilatatus* (Crustacea, Oniscidea). *Genetica* 144:223–228.
- Millot F, Vannesson R, Themée A, et al (2012) Survie et reproduction de perdrix grises sauvages en captivité. Bilan de trois années à l’élevage conservatoire de l’ONCFS. *Faune Sauvage* 296:10–14
- Moreau J, Bertin A, Caubet Y, Rigaud T (2001) Sexual selection in an isopod with *Wolbachia*-induced sex reversal: males prefer real females. *J Evol Biol* 14:388–394.

- Morin E, Herrault P-A, Guinard Y, et al (2022) The promising combination of a remote sensing approach and landscape connectivity modelling at a fine scale in urban planning. *Ecol Indic* 139:108930.
- Morton MN, Krauss U (2011) Native and Alien Iguanas on Saint Lucia, West Indies. *Reptil Amphib* 18:24–33.
- Muratet A, Porcher E, Devictor V, et al (2008) Evaluation of floristic diversity in urban areas as a basis for habitat management. *Appl Veg Sci* 11:451–460. <https://doi.org/10.3170/2008-7-18530>
- Nei M, Maruyama T, Chakraborty R (1975) The Bottleneck Effect and Genetic Variability in Populations. *Evolution* 29:1–10.
- Novoa C (1998) La perdrix grise dans les Pyrénées-orientales. Utilisation de l'habitat, élément de démographie, incidence des brûlages dirigés. PhD Thesis Univ Paris 6 200 pages
- Novoa C, Bech N, Resseguier J, et al (2014) A translocation experiment for improving the genetic diversity of an isolated population of Pyrenean rock ptarmigan (*Lagopus muta pyrenaica*). *Galliformes Specialist Group*
- Novoa C, Martin JF, Blanc Manel S, Taberlet P (2005) La perdrix grise des Pyrénées : une entité génétique menacée. *Faune Sauvage Spéc Génétique* 265:64–69
- O.N.C. (1988) La perdrix grise de montagne. Notes Tech Fiche N°46 Supplément Bull Mens Off Natl Chasse N°124 6 P
- Ottenburghs J (2021) The genic view of hybridization in the Anthropocene. *Evol Appl* 14:2342–2360.
- Parman V, Vargo EL (2010) Colony-Level Effects of Imidacloprid in Subterranean Termites (Isoptera: Rhinotermitidae). *J Econ Entomol* 103:791–798.
- Perdereau E, Bagnères A-G, Dupont S, Dedeine F (2010) High occurrence of colony fusion in a European population of the American termite *Reticulitermes flavipes*. *Insectes Sociaux* 57:393–402.
- Perdereau E, Bagnères A-G, Vargo E I., et al (2015) Relationship between invasion success and colony breeding structure in a subterranean termite. *Mol Ecol* 24:2125–2142.
- Perez M, Livoreil B, Mantovani S, et al (2014) Genetic Variation and Population Structure in the Endangered Hermanns Tortoise: The Roles of Geography and Human-Mediated Processes. *J Hered* 105:70–81
- Pille F, Caron S, Bonnet X, et al (2018) Settlement pattern of tortoises translocated into the wild: a key to evaluate population reinforcement success. *Biodivers Conserv* 27:437–457.

Powell R (ed), Henderson RW (ed) (2012) Island lists of West Indian amphibians and reptiles

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–59

Pullin AS, Knight TM (2003) Support for decision making in conservation practice: an evidence-based approach. *J Nat Conserv* 11:83–90.

Ramalho CE, Hobbs RJ (2012) Time for a change: dynamic urban ecology. *Trends Ecol Evol* 27:179–188.

Randi E (2008) detecting hybridization between wild species and their domesticated relatives. *Mol Ecol* 17:285–293

Randi E, Bernard-Laurent A (1998) Introgression of red-legged (*Alectoris rufa*) allozymes and mitochondrial DNA in rock partridge (*Alectoris graeca*) alpine populations : The population genetic consequences of natural hybridization. *Gibier Faune Sauvage* 15:435–444

Ribout C, Bech N, Briand MJ, et al (2018) A lack of spatial genetic structure of *Gymnothorax chilospilus* (moray eel) suggests peculiar population functioning. *Biol J Linn Soc* 125:142–151.

Rigaud T, Juchault P, Mocquard J-P (1997) The evolution of sex determination in isopod crustaceans. *BioEssays* 19:409–416.

Robert A, Yengué JL (2017) When Allotment Gardens Become Urban Green Spaces like Others, Providing Cultural Ecosystem Services. *Environ Ecol Res* 5:453–460.

Rollinson D, Simpson A (1987) The biology of schistosomes. From genes to latrines. Lond Acad Press

Rosenberg NA (2004) DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Mol Ecol Notes* 4:137–138

Roux DJ, Rogers KH, Biggs HC, et al (2006) Bridging the Science–Management Divide: Moving from Unidirectional Knowledge Transfer to Knowledge Interfacing and Sharing. *Ecol Soc* 11:

Rudge JW, Carabin H, Jr EB, et al (2008) Population Genetics of *Schistosoma japonicum* within the Philippines Suggest High Levels of Transmission between Humans and Dogs. *PLoS Negl Trop Dis* 2:e340.

Sadun EH, Lichtenberg F von, Hickman RL, et al (1966) *Schistosomiasis Mansoni* in the Chimpanzee: Parasitologic, Clinical, Serologic, Pathologic and Radiologic Observations. *Am J Trop Med Hyg* 15:496–506.

Sanderson EW, Huron A (2011) Conservation in the City. *Conserv Biol* 25:421–423.

- Seehausen O (2004) Hybridization and adaptive radiation. *Trends Ecol Evol* 19:198–207.
- Segura A, Delibes-Mateos M, Acevedo P (2020) Implications for Conservation of Collection of Mediterranean Spur-Thighed Tortoise as Pets in Morocco: Residents' Perceptions, Habits, and Knowledge. *Animals* 10:265.
- Shafer, A.B.A. *et al.* (2015) Genomics and the challenging translation into conservation practice. *Trends Ecol Evol* 30, 78–87.
- Souty-Grosset C, Badenhausser I, Reynolds JD, Morel A (2005) Investigations on the potential of woodlice as bioindicators of grassland habitat quality. *Eur J Soil Biol* 41:109–116
- Souty-Grosset C, Faberi A (2018) Effect of agricultural practices on terrestrial isopods: a review. *ZooKeys* 63–96.
- Standley C, Dobson AP, Stothard J (2012) Out of Animals and Back Again: Schistosomiasis as a Zoonosis in Africa. 2012. Princetown Univ
- Stirewalt MA, Kuntz RE, Evans AS (1951) The Relative Susceptibilities of the Commonly-Used Laboratory Mammals to Infection by *Schistosoma Mansoni*. *Am J Trop Med Hyg* 1-31:57–82.
- Sunderland T, Sunderland-Groves J, Shanley P, Campbell B (2009) Bridging the Gap: How Can Information Access and Exchange Between Conservation Biologists and Field Practitioners be Improved for Better Conservation Outcomes? *Biotropica* 41:549–554.
- Sutherland WJ, Armstrong-Brown S, Armsworth PR, et al (2006) The identification of 100 ecological questions of high policy relevance in the UK. *J Appl Ecol* 43:617–627.
- Taha H (2004) Heat Islands and Energy. In: Cleveland CJ (ed) *Encyclopedia of Energy*. Elsevier, New York, pp 133–143
- Tallmon DA, Luikart G, Waples RS (2004) The alluring simplicity and complex reality of genetic rescue. *Trends Ecol Evol* 19:489–496.
- Taylor DR (1990) Evolutionary consequences of cytoplasmic sex ratio distorters. *Evol Ecol* 4:235–248.
- Taylor PD, Fahrig L, Henein K, Merriam G (1993) Connectivity is a vital element of landscape structure. *Oikos* 571–573
- Teukeng FFD, Blin M, Bech N, et al (2022) Hybridization increases genetic diversity in *Schistosoma haematobium* populations infecting humans in Cameroon. *Infect Dis Poverty* 11:37.
- UICN-France, MNHN, LPO, SEOF, ONCFS (2016) La Liste rouge des espèces menacées en France— Chapitre Oiseaux de France métropolitaine. Paris Fr. 31

Valette V, Bitome Essono P-Y, Le Clec'h W, et al (2013) Multi-Infections of Feminizing *Wolbachia* Strains in Natural Populations of the Terrestrial Isopod *Armadillidium Vulgare*. PLoS ONE 8(12).

Vargo EL (2003) Hierarchical Analysis of Colony and Population Genetic Structure of the Eastern Subterranean Termite, *Reticulitermes Flavipes*, Using Two Classes of Molecular Markers. Evolution 57:2805–2818.

Vargo EL, Parman V (2012) Effect of Fipronil on Subterranean Termite Colonies (Isoptera: Rhinotermitidae) in the Field. J Econ Entomol 105:523–532.

Vuillaume B, Valette V, Lepais O, et al (2015) Genetic Evidence of Hybridization between the Endangered Native Species *Iguana delicatissima* and the Invasive Iguana *Iguana* (Reptilia, Iguanidae) in the Lesser Antilles: Management Implications. PLOS ONE 10:e0127575.

Wang TP, Shrivastava J, Johansen MV, et al (2006) Does multiple hosts mean multiple parasites? Population genetic structure of *Schistosoma japonicum* between definitive host species. Int J Parasitol 36:1317–1325.

Wermuth H (1952) *Testudo hermanni robertmertensi* n. subsp. Und ihr Vorkommen in Spanien

Werren JH, Baldo L, Clark ME (2008) *Wolbachia*: master manipulators of invertebrate biology. Nat Rev Microbiol 6:741–751.

Westemeier RL, Brawn JD, Simpson SA, et al (1998) Tracking the long-term decline and recovery of an isolated population. Science 282:1695–1698

Wilcove D, Rothstein D, Dubow J, et al (1998) Quantifying threats to imperiled species in the United States. BioScience 48:607–615

Wilcove DS, McLellan CH, Dobson AP (1986) Habitat fragmentation in the temperate zone. Conserv Biol 6:237–256

Wolf JBW, Ellegren H (2017) Making sense of genomic islands of differentiation in light of speciation. Nat Rev Genet 18:87–100.

Yang J, Wang Y, Xiu C, et al (2020) Optimizing local climate zones to mitigate urban heat island effect in human settlements. J Clean Prod 275:123767

Zenboudji S, Cheylan M, Arnal V, et al (2016) Conservation of the endangered Mediterranean tortoise *Testudo hermanni hermanni*: The contribution of population genetics and historical demography. Biol Conserv 195:279–291